PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6:

C07K 14/47, C12N 15/10, 15/11, 15/12, 5/10, C07K 16/18, C12N 15/79

A2

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:

WO 99/54353

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE,

(43) Internationales

Veröffentlichungsdatum:

NL, PT, SE).

28. Oktober 1999 (28.10.99)

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/DE99/01175

(22) Internationales Anmeldedatum:

15. April 1999 (15.04.99)

(30) Prioritätsdaten:

198 17 946.4

17. April 1998 (17.04.98)

DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

Veröffentlicht

Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC,

BEST AVAILABLE COPY

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL UTERUS TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS UTERUSNORMALGEWEBE

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben



expremierte Gene GENE EXPRESSED IN

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of normal uterus tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
ΑU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TĐ	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland		Republik Mazedonien	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
ВJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von
CA	Kanada	IТ	Italien	MX	Mexiko		Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun		Korea	PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		•
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

WO 99/54353 PCT/DE99/01175

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusnormalgewebe

betrifft Die Erfindung menschliche Nukleinsäureseguenzen aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

10

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist der Uterustumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirugische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

15

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank 30 35

2.5

verwendet, die aus sogenanten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen

Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit 45

40

die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können. Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1,

eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe.

Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehenst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden 5

15

20

30

35

40

45

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.62 und Seq. ID 121 bis Seq. ID 127 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Uterustumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- 25 oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, die im Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq. ID 127 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten

konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

- Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, φX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).
- Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacl, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.
- Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie <u>E. coli</u> oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

45

25

30

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

- Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.
- Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq. ID 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können.
- Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.
- Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50

10

15

25

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq. ID 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

7

25

10

15

20

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu Nukleinsäuren= 30 verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen). ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann. 35 Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus) 40 ein Contig, der nur eine Sequenz enthält Singleton= Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt 45 N =wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

5 minimal initial match=

minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read=

maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch=

maximale Abweichung in %

10

Erklärung der Abbildungen

zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq 15 Fig. 1 Datenbank. Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung 20 Fig. 2b1-2b4 Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben 25 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern. Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen. 30 Fig. 5

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

20

25

35

40

45

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusnormalgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumorund Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

WO 99/54353 8 PCT/DE99/01175

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Seguenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homolgiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

35

20

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 27 gefunden, die 6,7 .x stärker im normalen Uterusmyometrium als im Myomgewebe vorkommt und das humane gas 1 Gen darstellt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0078	0.0000	undef 0.0000
40	Brust	0.0026	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513 0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef 0.0000
_	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
45	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0021	0.0275	0.0771 12.9706
50	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283 2.3347
	Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
55	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef

```
undef 0.0000
undef 0.0000
                          Penis 0.0030
                                               0.0000
                       Prostata 0.0109
                                               0.0000
             Uterus_Endometrium 0.0000
                                                            undef undef
                                               0.0000
              Uterus Myometrium 0.0457
                                              0.0068
                                                            6.7336 0.1485
 5
              Uterus_allgemein 0.0204
                                               0.0000
                                                            undef 0.0000
              Brust-Hyperplasie 0.0032
          Prostata-Hyperplasie 0.0000
                     Samenblase 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
10
        Weisse Blutkoerperchen 0.0000
                         Zervix 0.0000
                                 FOETUS
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
15
              Gastrointenstinal 0.0028
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                           Haut 0.0000
20
                      Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0000
                          Lunge 0.0108
                     Nebenniere 0.0254
                         Niere 0.0000
25
                       Placenta 0.0061
                       Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
30
                                %Haeufigkeit
                          Brust 0.0272
                    Eierstock_n 0.1595
                    Eierstock_t 0.0253
             Endokrines_Gewebe 0.0979
Foetal 0.0070
35
              Gastrointestinal 0.0122
               Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0162
                         Hoden 0.0000
40
                          Lunge 0.0000
                        Nerven 0.0050
                       Prostata 0.0137
                   Sinnesorgane 0.0000
                       Uterus_n 0.0167
```

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	Elektronischer Northern fü	IF SEQ. ID. NO	J: 1	
50		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0156	0.0077	2.0339 0.4917
		0.0128	0.0075	1.7013 0.5878
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
55	Eierstock		0.0026	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	· ·	0.0050	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199 0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
60	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
	Herz	0.0265	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	_	0.0062	0.0020	3.0482 0.3281
65	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett.		0.0060	1.4278 0.7004
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000 undef

45

	Penis	0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0043	3.0709 0.3256
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef 0.0000
_	Uterus_Myometrium		0.0068	6.7336 0.1485
5	 Uterus_allgemein 		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
• •	Sinnesorgane			
10	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		
		FOETUS		
		%Haeufigkei	+	
15	Entwicklung		•	
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	-	0.0000		
20	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
		0.0072		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0062		
25	Placenta	0.0182		
	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0000		
		NODMIEDTE/CI	IPTPALL COMP	BIBLIOTHEKEN
30		%Haeufigkeit		BIBLIOTHEREN
	Brust	0.0068	-	
	Eierstock n			
	Eierstock_t			
	Endokrines Gewebe			
35	Foetal			
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	0.0032		
		0.0000		
40		0.0000		
	Nerven	0.0010		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0155		
	Uterus_n			
	-			

5		0.0039	TUMOR %Haeufigkeit 0.0026	1.5254 0.6555
	Duenndarm	0.0115	0.0094	1.2250 0.8164
	Eierstock		0.0052	undef undef 1.72690.5791
	Endokrines Gewebe		0.0025	0.6792 1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0113	0.3273 3.0557
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0220	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000 0.0275	undef undef
13		0.0000	0.0275	0.5397 1.8529 undef undef
		0.0125	0.0041	3.0482 0.3281
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142 4.6693
20		0.0081	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0166	0.0000 undef
		0.0269	0.0000	undef 0.0000
	Prostata Uterus Endometrium		0.0128 0.0000	0.1706 5.8615
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			ander under
	Prostata-Hyperplasie			
20	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen Zervix			
	Zelvix	0.0000		• •
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn Haematopoetisch			
40		0.0000		
••	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	Lunge	0.0000		
	Nebenniere			
45	Niere			
	Placenta			
	Prostata Sinnesorgane			
	Simesorgane	0.0000		
50		NORMIERTE/SUB	TRAHIERTE BIB	LIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock_n			
55	Eierstock_t Endokrines_Gewebe			
33	Foetal			
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60	Hoden			
	Lunge			
	Nerven			
	Prostata			
65	Sinnesorgane Uterus_n			
~~	oreinz_u	0.0003		

```
NORMAL
                                                  TUMOR
                                                                Verhaeltnisse
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
   5
                                                                       T/N
                             Blase 0.0000
                                                               undef undef
undef undef
                                                  0.0000
                             Brust 0.0000
                                                  0.0000
                         Duenndarm 0.0031
                                                  0.0000
                                                                undef 0.0000
                         Eierstock 0.0000
                                                  0.0000
                                                                undef undef
                Endokrines_Gewebe 0.0017
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
1.2425 0.8048
  10
                 Gastrointestinal 0.0057
                                                 0.0046
                           Gehirn 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                  Haematopoetisch 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                              Haut 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                        Hepatisch 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
  15
                             Herz 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                             Hoden 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                            Lunge 0.0010
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
               Magen-Speiseroehre 0.0193
                                                               undef 0.0000
                                                 0.0000
                   Muskel-Skelett 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
 20
                            Niere 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
undef undef
undef 0.0000
                         Pankreas 0.0000
                                                 0.0000
                            Penis 0.0030
                                                 0.0000
                         Prostata 0.0109
                                                 0.0043
                                                               2.5591 0.3908
              Uterus_Endometrium 0.0000
                                                               undef undef
undef 0.0000
                                                0.0000
 25
               Uterus Myometrium 0.0381
                                                 0.0000
                Uterus allgemein 0.0051
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
               Brust-Hyperplasie 0.0000
            Prostata-Hyperplasie 0.0000
                      Samenblase 0.0089
 30
                     Sinnesorgane 0.0000
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                           Zervix 0.0000
 35
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0028
                          Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
 40
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
                           Lunge 0.0000
                      Nebenniere 0.0000
45
                           Niere 0.0000
                        Placenta 0.0000
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
50
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
                     Eierstock_n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0000
55
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                          Foetal 0.0000
               Gastrointestinal 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0000
60
                          Hoden 0.0000
                          Lunge 0.0000
                         Nerven 0.0000
                       Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
65
                       Uterus_n 0.0000
```

```
NORMAL
                                               TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
   5
                                                                    T/N
                            Blase 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                            Brust 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                       Duenndarm 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                       Eierstock 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef
                                                                   undef
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                                               0.0000
                                                            undef undef
  10
                Gastrointestinal 0.0000
                                               0.0000
                                                            undef undef
                          Gehirn 0.0000
                                               0.0000
                                                            undef undef
                 Haematopoetisch 0.0000
                                               0.0000
                                                                   undef
                                                            undef
                           Haut 0.0000
                                               0.0000
                                                            undef undef
                       Hepatisch 0.0000
                                               0.0000
                                                            undef undef
  15
                            Herz 0.0000
                                               0.0000
                                                            undef undef
                           Hoden 0.0000
                                               0.0000
                                                            undef undef
                           Lunge 0.0010
                                               0.0000
                                                            undef 0.0000
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                               0.0000
                                                            undef undef
                 Muskel-Skelett 0.0000
                                               0.0000
                                                            undef undef
 20
                          Niere 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
                        Pankreas 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
                           Penis 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
                        Prostata 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
             Uterus_Endometrium 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
 25
              Uterus Myometrium 0.0305
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
               Uterus_allgemein 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef
              Brust-Hyperplasie 0.0000
           Prostata-Hyperplasie 0.0000
                     Samenblase 0.0000
 30
                   Sinnesorgane 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                         Zervix 0.0000
                                FOETUS
 35
                                %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0000
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
40
                          Haut 0:0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0000
                          Lunge 0.0000
                    Nebenniere 0.0000
45
                          Niere 0.0000
                       Placenta 0.0000
                      Prostata 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0000
50
                               NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                         Brust 0.0000
                   Eierstock_n 0.0000
                   Eierstock t 0.0000
55
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                        Foetal 0.0000
              Gastrointestinal 0.0000
               Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0000
60
                         Hoden 0.0000
                         Lunge 0.0000
                        Nerven 0.0000
                      Prostata 0.0000
                 Sinnesorgane 0.0000
                     Uterus_n 0.0125
```

65

```
NORMAL
                                               TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                           Blase 0.0000
 5
                                               0.0000
                                                             undef undef
                           Brust 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
undef 0.0000
                      Duenndarm 0.0031
                                               0.0000
                      Eierstock 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                                               0.0000
              Endokrines_Gewebe 0.0017
                                                             undef 0.0000
10
               Gastrointestinal 0.0057
                                               0.0046
                                                             1.2425 0.8048
                         Gehirn 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                Haematopoetisch 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                           Haut 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                      Hepatisch 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
15
                           Herz 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                                               0.0000
                          Hoden 0.0058
                                                             undef 0.0000
                                                             undef 0.0000
undef 0.0000
                          Lunge 0.0010
                                               0.0000
             Magen-Speiseroehre 0.0193
                                               0.0000
                 Muskel-Skelett 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
20
                          Niere 0.0027
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                                                             undef undef
undef 0.0000
                        Pankreas 0.0000
                                               0.0000
                          Penis 0.0060
                                               0.0000
                       Prostata 0.0109
                                               0.0043
                                                             2.5591 0.3908
             Uterus Endometrium 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
undef 0.0000
undef 0.0000
25
              Uterus Myometrium 0.0381
                                               0.0000
              Uterus allgemein 0.0102
                                               0.0000
              Brust-Hyperplasie 0.0000
           Prostata-Hyperplasie 0.0000
                     Samenblase 0.0178
30
                   Sinnesorgane 0.0000
        Weisse Blutkoerperchen 0.0000
                         Zervix 0.0000
                                 FOETUS
35
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0028
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
40
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0000
                          Lunge 0.0000
                     Nebenniere 0.0000
45
                          Niere 0.0124
                        Placenta 0.0000
                       Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
50
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                          Brust 0.0000
                    Eierstock_n 0.0000
                    Eierstock t 0.0000
55
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0000
               Gastrointestinal 0.0122
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0000
60
                          Hoden 0.0000
                          Lunge 0.0000
                         Nerven 0.0000
                       Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
65
                       Uterus_n 0.0000
```

5		0.0000	TUMOR %Haeufigkeit 0.0000	Verhaeltnisse N/T T/N undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm Eierstock		0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000 0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch		0.0000	undef undef
13		0.0000 0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata Uterus Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef 0.0000 undef undef
	Brust-Hyperplasie		0.0000	ander ander
	Prostata-Hyperplasie			
••	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen Zervix			
	Zelvix	0.0000		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn Haematopoetisch			•
40		0.0000		
••	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0000		
	Nebenniere			
45		0.0000		
	Placenta			
	Prostata Sinnesorgane			
	Dimesorgane	0.0000		
50		NORMIERTE/SUB	TRAHIERTE BIB	LIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
	Eierstock_n			
55	Eierstock_t Endokrines Gewebe			
33	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60	Hoden			
	Lunge			
	Nerven			
	Prostata Sinnesorgane			
65	Sinnesorgane Uterus n			•
	0.001.02	0.0000		

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
   5
                            Blase 0.0000
                                                0.0179
                                                              0.0000 undef
                            Brust 0.0090
                                                0.0075
                                                              1.1909 0.8397
                        Duenndarm 0.0031
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                        Eierstock 0.0120
                                                0.0130
                                                             0.9210 1.0858
                Endokrines_Gewebe 0.0136
                                                0.0100
                                                             1.3585 0.7361
  10
                 Gastrointestinal 0.0038
                                                0.0046
                                                             0.8283 1.2072
                           Gehirn 0.0089
                                                0.0041
                                                             2.1599 0.4630
                 Haematopoetisch 0.0080
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
undef undef
                             Haut 0.0000
                                                0.0000
                       Hepatisch 0.0095
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
  15
                            Herz 0.0085
                                               0.0275
                                                             0.3084 3.2426
                            Hoden 0.0058
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
                           Lunge 0.0093
                                               0.0041
                                                             2.2862 0.4374
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                               0.0153
                                                             0.0000 undef
                  Muskel-Skelett 0.0017
                                               0.0060
                                                             0.2856 3.5020
 20
                           Niere 0.0054
                                               0.0137
                                                             0.3965 2.5219
                        Pankreas 0.0033
                                               0.0110
                                                             0.2991 3.3428
                           Penis 0.0150
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                        Prostata 0.0087
                                               0.0085
                                                             1.0236 0.9769
              Uterus_Endometrium 0.0135
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
 25
               Uterus_Myometrium 0.0381
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                Uterus_allgemein 0.0051
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
               Brust-Hyperplasie 0.0032
            Prostata-Hyperplasie 0.0089
                      Samenblase 0.0000
 30
                    Sinnesorgane 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0043
                          Zervix 0.0000
                                 FOETUS
 35
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0028
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0039
40
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0000
                          Lunge 0.0072
                     Nebenniere 0.0000
45
                          Niere 0.0185
                       Placenta 0.0061
                       Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
50
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                          Brust 0.0000
                    Eierstock_n 0.0000
                    Eierstock t 0.0152
55
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0006
               Gastrointestinal 0.0122
                Haematopoetisch 0.0057
                    Haut-Muskel 0.0065
60
                         Hoden 0.0000
                          Lunge 0.0000
                         Nerven 0.0110
                       Prostata 0.0205
                  Sinnesorgane 0.0000
65
                      Uterus_n 0.0000
```

```
NORMAL
                                                     TUMOR
                                                                   Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                   T/N
  5
                           Blase 0.0273
                                              0.0128
                                                           2.1356 0.4682
                          Brust 0.0320
                                              0.0188
                                                            1.7013 0.5878
                      Duenndarm 0.0153
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                     Eierstock 0.0210
                                              0.0078
                                                           2.6863 0.3723
              Endokrines Gewebe 0.0119
                                              0.0100
                                                           1.1887 0.8413
 10
               Gastrointestinal 0.0287
                                              0.0046
                                                            6.2125 0.1610
                         Gehirn 0.0037
                                              0.0082
                                                           0.4500 2.2223
                Haematopoetisch 0.0080
                                              0.0379
                                                           0.2117 4.7230
                           Haut 0.0037
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
                                              0.0065
                                                           0.0000 undef
 15
                           Herz 0.0148
                                              0.0137
                                                           1.0794 0.9265
                          Hoden 0.0058
                                              0.0117
                                                           0.4920 2.0326
                          Lunge 0.0135
                                              0.0102
                                                           1.3209 0.7571
             Magen-Speiseroehre 0.0097
                                              0.0230
                                                           0.4202 2.3799
                 Muskel-Skelett 0.0103
                                              0.0120
                                                           0.8567 1.1673
20
                          Niere 0.0271
                                              0.0205
                                                           1.3217 0.7566
                       Pankreas 0.0099
                                              0.0497
                                                           0.1994 5.0142
                          Penis 0.0180
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                       Prostata 0.0218
                                              0.0234
                                                           0.9306 1.0746
             Uterus Endometrium 0.0135
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
25
              Uterus Myometrium 0.0686
                                                           3.3668 0.2970
                                              0.0204
              Uterus_allgemein 0.0306
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
              Brust-Hyperplasie 0.0096
           Prostata-Hyperplasie 0.0149
                    Samenblase 0.0000
30
                   Sinnesorgane 0.0235
         Weisse Blutkoerperchen 0.0061
                         Zervix 0.0000
                                FOETUS
35
                                %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0250
                         Gehirn 0.0000
               Haematopoetisch 0.0079
40
                          Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0036
                         Lunge 0.0434
                     Nebenniere 0.0000
45
                         Niere 0.0247
                       Placenta 0.0303
                       Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0126
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                         Brust 0.0884
                   Eierstock_n 0.0000
             Eierstock_t 0.0557
Endokrines_Gewebe 0.0000
55
                        Foetal 0.0157
              Gastrointestinal 0.0366
               Haematopoetisch 0.0057
                   Haut-Muskel 0.0097
60
                         Hoden 0.0000
                         Lunge 0.0328
                        Nerven 0.0080
                      Prostata 0.0137
                  Sinnesorgane 0.0000
65
                   Uterus_n 0.0125
```

		NORMAL	TUMOR	Monhaelen:
			%Haeufigkeit	Verhaeltnisse
5	Blase	0.0117	0.0102	
		0.0115	0.0169	1.1441 0.8741 0.6805 1.4694
	Duenndarm		0.0000	0.0005 1.4694
	Eierstock		0.0026	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	3.4538 0.2895
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	1.6981 0.5889
		0.0052	0.0113	undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	0.4582 2.1827
		0.0000	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0194	undef undef
15		0.0011	0.0000	0.2451 4.0800
		0.0115	0.0351	undef 0.0000
		0.0042	0.0123	0.3280 3.0489
	Magen-Speiseroehre		0.0123	0.3387 2.9526
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	0.0000 undef
20			0.0205	undef 0.0000
	Pankreas			0.2643 3.7829
		_	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium		0.0064	1.7060 0.5862
25	Uterus_Myometrium			undef undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0300	0.0954	0.3202 3.1226
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0039		
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix			
	201417	0.0100		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0056		
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0071		
	Lunge			
	Nebenniere			
45	Niere			
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	gane	5000		
50		NORMIERTE/SUBT	DAHIEDTE DIE	TOMUNION-
		%Haeufigkeit	KWUITKIE BIBL	IOTHEKEN
	Brust	0 0000		
	Eierstock n			
	Eierstock_t	0.0000		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal			
	Gastrointestinal	0.0111		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel (0.0114		
60				
	Hoden (
	Lunge (
	Nerven (
	Prostata (. 0205		
65	Sinnesorgane (0.0000		
55	Uterus_n (7.0125		

	·	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	ב נפ	%Haeufigkeit		
)		0.0000	0.0026	0.0000 undef
		0.0026	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0026	0.0000 undef
• •	Endokrines_Gewebe		0.0125	0.5434 1.8403
10	Gastrointestinal		0.0093	0.0000 undef
		0.0067	0.0082	0.81001.2346
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0330	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0000	0.0137	0.0000 undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.16935.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef 0.0000
	Uterus allgemein		0.0954	0.0534 18.735
	Brust-Hyperplasie		0.0554	0.0334 10.733
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
50	Weisse Blutkoerperchen			
	-	0.0000		
	Zelvix	0.0000		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
-	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40	-	0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	_	0.0000		
	Nebenniere			
45		0.0000		
43	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
50		MODMIFOTE /CIT	ים שתמדנוגמיתו	The community
30		NORMIERTE/SUE	IRANIERTE B	IBLIOTHEREN
	Bount	%Haeufigkeit		
	Eierstock n	0.0136		
	_			
E E	Eierstock_t			
55	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal		4	
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60		0.0000		
		0.0082		
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
65	Uterus_n	0.0083		
	_			

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
 5
                           Blase 0.0000
                                                0.0000
                                                             undef undef
                           Brust 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
undef undef
                       Duenndarm 0.0000
                                               0.0000
                       Eierstock 0.0000
                                               0.0026
                                                             0.0000 undef
               Endokrines Gewebe 0.0119
                                               0.0025
                                                             4.7547 0.2103
10
               Gastrointestinal 0.0000
                                               0.0046
                                                             0.0000 undef
                          Gehirn 0.0044
                                               0.0010
                                                             4.3198 0.2315
                 Haematopoetisch 0.0000
                                                             undef undef
                                               0.0000
                            Haut 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                       Hepatisch 0.0000
                                                             undef undef
undef 0.0000
                                               0.0000
15
                            Herz 0.0032
                                               0.0000
                           Hoden 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                           Lunge 0.0052
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                               0.0077
                                                             0.0000 undef
                 Muskel-Skelett 0.0017
                                                             undef 0.0000
undef 0.0000
                                               0.0000
20
                           Niere 0.0136
                                               0.0000
                        Pankreas 0.0000
                                                             undef undef
undef 0.0000
                                               0.0000
                           Penis 0.0030
                                               0.0000
                        Prostata 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
             Uterus_Endometrium 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
25
              Uterus_Myometrium 0.0381
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
               Uterus_allgemein 0.0051
                                                             undef 0.0000
                                               0.0000
              Brust-Hyperplasie 0.0000
           Prostata-Hyperplasie 0.0000
                     Samenblase 0.0000
30
                    Sinnesorgane 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                          Zervix 0.0000
                                 FOETUS
35
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0139
              Gastrointenstinal 0.0000
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0039
40
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0071
                          Lunge 0.0000
                     Nebenniere 0.0000
45
                          Niere 0.0000
                        Placenta 0.0000
                       Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
50
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
                    Eierstock n 0.0000
                    Eierstock t 0.0000
55
              Endokrines Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0017
               Gastrointestinal 0.0122
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0000
60
                          Hoden 0.0000
                          Lunge 0.0246
                         Nerven 0.0070
                       Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
65
                       Uterus n 0.0042
```

5		0.0120	TUMOR %Haeufigkeit 0.0051 0.0094 0.0000 0.0052 0.0050	Verhaeltnisse N/T T/N 1.5254 0.6555 0.5444 1.8368 undef undef 2.3025 0.4343 0.3396 2.9444
10	Haematopoetisch	0.0044 0.0027 0.0000	0.0000 0.0031 0.0000 0.0000 0.0065	undef undef 1.4399 0.6945 undef 0.0000 undef undef 0.0000 undef
15	Herz Hoden Lunge Magen-Speiseroehre	0.0053 0.0058 0.0104 0.0000	0.0000 0.0000 0.0020 0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000 5.0803 0.1968 undef undef
20	Pankreas	0.0054 0.0000 0.0000	0.0000 0.0000 0.0055 0.0000 0.0021	undef 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef undef undef 0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie	0.0305 0.0102 0.0032	0.0000 0.0000 0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000
30	Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix	0.0089 0.0118 0.0009		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung Gastrointenstinal Gehirn	0.0028		
40	Hepatisch Herz-Blutgefaesse	0.0000		
45	Nebenniere	0.0000 0.0124 0.0121 0.0000		
50	Brust Eierstock_n		TRAHIERTE BIB	LIOTHEKEN
55	Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch	0.0000 0.0070 0.0000 0.0000		
60	Lunge Nerven Prostata	0.0000 0.0000 0.0020 0.0000		
65	Sinnesorgane Uterus_n			

```
NORMAL
                                                 TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                   T/N
   5
                             Blase 0.0117
                                                 0.0077
                                                               1.5254 0.6555
                            Brust 0.0077
                                                 0.0075
                                                              1.0208 0.9796
                        Duenndarm 0.0123
                                                 0.0000
                                                              undef 0.0000
                        Eierstock 0.0030
                                                0.0026
                                                              1.1513 0.8686
                Endokrines_Gewebe 0.0051
                                                0.0025
                                                              2.0377 0.4907
  10
                 Gastrointestinal 0.0019
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                           Gehirn 0.0044
                                                0.0041
                                                              1.0799 0.9260
                  Haematopoetisch 0.0013
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
undef undef
                             Haut 0.0000
                                                0.0000
                        Hepatisch 0.0048
                                                0.0065
                                                              0.7353 1.3600
  15
                             Herz 0.0000
                                                0.0000
                                                              undef undef
                            Hoden 0.0115
                                                0.0234
                                                              0.4920 2.0326
                            Lunge 0.0031
                                                0.0082
                                                              0.3810 2.6245
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                0.0077
                                                              0.0000 undef
                  Muskel-Skelett 0.0051
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
 20
                            Niere 0.0054
                                                0.0205
                                                              0.2643 3.7829
                         Pankreas 0.0050
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                            Penis 0.0030
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                        Prostata 0.0109
                                                0.0064
                                                              1.7060 0.5862
              Uterus_Endometrium 0.0000
                                                0.0000
                                                              undef undef
undef 0.0000
 25
               Uterus_Myometrium 0.0305
                                                0.0000
                Uterus_allgemein 0.0153
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
               Brust-Hyperplasie 0.0000
            Prostata-Hyperplasie 0.0000
                      Samenblase 0.0000
 30
                    Sinnesorgane 0.0000
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0017
                          Zervix 0.0106
                                  FOETUS
 35
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0028
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
 40
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0071
                          Lunge 0.0000
                     Nebenniere 0.0000
45
                          Niere 0.0000
                        Placenta 0.0000
                       Prostata 0.0249
                   Sinnesorgane 0.0000
50
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                          Brust 0.0000
                    Eierstock_n 0.0000
                    Eierstock t 0.0000
55
              Endokrines_Gewebe 0.0245
                         Foetal 0.0041
               Gastrointestinal 0.0000
                Haematopoetisch 0.0057
                    Haut-Muskel 0.0000
60
                          Hoden 0.0077
                          Lunge 0.0164
                         Nerven 0.0010
                       Prostata 0.0068
                   Sinnesorgane 0.0000
65
                       Uterus_n 0.0000
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0051	0.0019	2.7221 0.3674
	Duenndarm		0.0000	undef undef
	Eierstock		0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe		0.0025	0.0000 undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch		0.0000	undef undef
13		0.0032	0.0275	0.1156 8.6471
		0.0000	0.0000	undef undef
	3	0.0021	0.0020	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0120	0.1428 7.0040
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata Uterus_Endometrium		0.0021	0.0000 undef
25			0.0000	undef undef
23	Uterus_Myometrium Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie		0.0000	undef undef
		-		
	Prostata-Hyperplasie Samenblase			
30				
50	Sinnesorgane Weisse Blutkoerperchen			
	Zervix			
	Zelvix	0.0000		
		FOETUS		
35	•	%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			•
	Haematopoetisch			
40	-	0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0000		4
	Nebenniere			
45	Niere	0.0000		•
	Placenta	0.0000		•
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	-			
50		NORMIERTE/SUB	TRAHIERTE BIB	LIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
55	Endokrines_Gewebe			•
	Foetal			•
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch	0.0000		
60	Haut-Muskel			
60	Hoden			
	Lunge			
	Nerven			
	Prostata			
<i>(</i>	Sinnesorgane			
65	Uterus_n	0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		%Haeufigkeit	%Haeufigkei	t N/T T/N
5		0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Brust	0.0102	0.0094	1.0888 0.9184
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0052	1.7269 0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0201	0.7642 1.3086
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425 0.8048
	Gehirn	0.0103	0.0144	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch	0.0134	0.0379	0.3529 2.8338
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855 2.5941
	Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0166	0.0123	1.3548 0.7381
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0120	1.2850 0.7782
20		0.0136	0.0068	1.9826 0.5044
	Pankreas		0.0166	0.4986 2.0057
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0234	0.8375 1.1940
	Uterus Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef 0.0000
	Uterus allgemein		0.0954	0.0534 18.735
	Brust-Hyperplasie		0.0554	0.0334 10.735
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
50	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix			
	261012	0.0100		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
-	Entwicklung	•		
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40		0.0000		
••	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0072		
	Nebenniere			
45		0.0062		•
43	Placenta			
	Pracenta			
	Sinnesorgane	0.0000		
50		NODMIEDTE / CIT	mnaurnnan na	
30		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	Down	%Haeufigkeit		
		0.0136		
	Eierstock_n			
E E	Eierstock_t			
55	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60		0.0154		
	_	0.0164		
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
65	Uterus_n	0.0083		

5	Brust Duenndarm Eierstock	0.0000 0.0102 0.0000 0.0060	TUMOR %Haeufigkeit 0.0102 0.0150 0.0000 0.0026	0.0000 undef 0.6805 1.4694 undef undef 2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch	0.0077 0.0059 0.0000 0.0037	0.0000 0.0000 0.0092 0.0000	undef undef undef 0.0000 0.6400 1.5626 undef undef undef 0.0000
15	Herz Hoden	0.0021 0.0000 0.0021 0.0000	0.0000 0.0137 0.0000 0.0061 0.0000 0.0060	undef undef 0.1542 6.4853 undef undef 0.3387 2.9526 undef undef
20	Niere Pankreas Penis Prostata	0.0027 0.0017 0.0090 0.0022	0.0000 0.0110 0.0000 0.0000	7.1388 0.1401 undef 0.0000 0.1496 6.6857 undef 0.0000 undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie	0.0305 0.0102 0.0128 0.0059	0.0000 0.0000 0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000
30	Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix	0.0000 0.0000 0.0213		
35	Entwicklung Gastrointenstinal Gehirn	0.0000		
40	Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge	0.0000 0.0000 0.0036 0.0072		-
45	Nebenniere Niere Placenta Prostata Sinnesorgane	0.0000 0.0182 0.0000		· .
50	Brust Eierstock_n Eierstock t		TRAHIERTE BIB	LIOTHEKEN
55	Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel	0.0000 0.0023 0.0000 0.0000		
60	Hoden Lunge Nerven Prostata	0.0000 0.0246 0.0090 0.0000		
65	Sinnesorgane Uterus_n			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	Rlass	e 0.0039	%Haeufigkeit	
		t 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Duenndari		0.0056 0.0000	0.4537 2.2042
	Eierstocl		0.0052	undef undef
	Endokrines Gewebe		0.0050	2.3025 0.4343
10	Gastrointestina]	0.0000	0.0000	2.7170 0.3681 undef
		0.0067	0.0072	0.9257 1.0803
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
16	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0032	0.0000	undef 0.0000
		0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett	0.0193	0.0000	undef 0.0000
20		0.0054	0.0060	0.0000 undef
	Pankreas		0.0068	0.7930 1.2610
		0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0131	0.0085	1.5354 0.6513
25	Uterus_Myometrium	0.0205	0.0000 0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein			undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096	0.0000	undef 0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0178		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
	Zervix	0.0000		
		202		
35	•	FOETUS		
	Entwicklung	%Haeufigkeit		
	Gastrointenstinal	0.0000		
		0.0063		
	Haematopoetisch			
40		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
		0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
45		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
50		1/071/77777 /		
-		NORMIERTE/SUBT	RAHIERTE BIBI	JIOTHEKEN
	Brust	%Haeufigkeit 0.0068		
	Eierstock_n			
	Eierstock_t	0.0000		
55	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	0.0000		
60	Hoden	0.0154		
	Lunge			
	Nerven			
	Prostata			
C 5	Sinnesorgane			
65	Uterus_n	0.0208		

5	Brust	0.0546 0.0397	TUMOR %Haeufigkeit 0.0281 0.0169	Verhaeltnisse N/T T/N 1.9415 0.5151 2.3440 0.4266
10	Duenndarm Eierstock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn	0.0599 0.0477 0.0134 0.0163	0.0000 0.0312 0.0226 0.0416 0.0205	undef 0.0000 1.9188 0.5212 2.1132 0.4732 0.3221 3.1043 0.7920 1.2627
15	Hepatisch Herz	0.0330	0.0000 0.0000 0.0518 0.0412 0.0117	undef 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef 0.3855 2.5941 1.4759 0.6775
20	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett	0.0137 0.0027	0.0225 0.0307 0.0360 0.0068 0.0497	0.5080 1.9684 0.3151 3.1733 0.3807 2.6265 0.3965 2.5219 0.2991 3.3428
25	Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus allgemein	0.0449 0.0305 0.0338 0.0915 0.0255	0.0800 0.0405 0.0000 0.0000	0.5616 1.7807 0.7543 1.3258 undef 0.0000 undef 0.0000
30	Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen	0.0480 0.0446 0.0801 0.0000 0.0286		undef 0.0000
35		FOETUS %Haeufigkeit		
40	Entwicklung (Gastrointenstinal (Gehirn (Haematopoetisch (Haut (0.0639 0.0250 0.0472		
	Haut (Hepatisch (Herz-Blutgefaesse (Lunge (Nebenniere (0.0000 0.0071 0.0253		
45	Niere (Niere (Placenta (Prostata (Sinnesorgane ()	0.0556 0.0061 0.0249		
50	N % Brust O	ORMIERTE/SUBT Haeufigkeit	RAHIERTE BIBL	IOTHEKEN
55	Eierstock_n 0 Eierstock_t 0 Endokrines_Gewebe 0 Foetal 0 Gastrointestinal 0	.0557 .0245 .0198 .0122	·	
60	Haematopoetisch 0 Haut-Muskel 0 Hoden 0 Lunge 0 Nerven 0	.0745 .0000 .0082		
65	Prostata 0 Sinnesorgane 0 Uterus_n 0	.0000 .0310		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	Place	%Haeufigkeit 0.0000		
3		0.0000	0.0000 0.0000	undef undef
	Duenndarm		0.0000	undef undef
	Eierstock		0.0000	undef undef undef undef
	Endokrines Gewebe		0.0000	under under
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0055 0.0000	0.0000 undef
	Prostata		0.0000	undef undef undef 0.0000
	Uterus Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
20	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen Zervix			
	Zelvix	0.0106		
25		FOETUS		
35	Em traci alalam m	%Haeufigkeit		
	Entwicklung Gastrointenstinal			
	Gastrointenstinal			
	Haematopoetisch			
40		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
45		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
50		NORMIERTE/SUB	TRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		,
	Eierstock_n			
~ ~	Eierstock_t			
55	Endokrines_Gewebe			
	Foetal Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	0.0000		
60		0.0000		
		0.0000		
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
65	Uterus_n	0.0167		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
3		0.0624	0.0204	3.0509 0.3278
		0.0077	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm		0.0165	1.8537 0.5395
	Eierstock		0.0026	4.6050 0.2172
10	Endokrines_Gewebe		0.0050	0.0000 undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
		0.0030	0.0041	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412 0.3400
15		0.0032	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett		0.0230	1.2605 0.7933
20		0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0000 0.0110	undef 0.0000
		0.1198	0.0000	0.2991 3.3428
	Prostata		0.0277	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium		0.0000	1.7323 0.5773
25	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0272	undef 0.0000 3.6474 0.2742
	Uterus_allgemein	0.0509	_ :::::	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128		dide1 0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0446		
	Samenblase			
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0213		
	•			
35		FOETUS		
33	Pro terral = 1.3	%Haeufigkeit		
	Entwicklung Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	Lunge			
	Nebenniere			
45	Niere			
	Placenta			
	Prostata	0.0499		
	Sinnesorgane	0.0000		
50				
50		NORMIERTE/SUBT	TRAHIERTE BIBI	LIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust			
	Eierstock_n	0.1595		
55	Eierstock_t			
,,	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch Haut-Muskel	0.0000		•
60				
	Hoden Lunge			
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
65	Uterus_n			,
	oreign"	0.000		

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
  5
                           Blase 0.0078
                                                0.0102
                                                             0.7627 1.3111
                           Brust 0.0166
                                                0.0376
                                                             0.4423 2.2607
                       Duenndarm 0.0399
                                                0.0331
                                                             1.2049 0.8299
                       Eierstock 0.0270
                                               0.0546
                                                             0.4934 2.0268
               Endokrines Gewebe 0.0341
                                               0.0075
                                                             4.5283 0.2208
 10
                Gastrointestinal 0.0441
                                               0.0278
                                                             1.5877 0.6299
                          Gehirn 0.0140
                                               0.0288
                                                             0.4885 2.0469
                 Haematopoetisch 0.0361
                                               0.0758
                                                             0.4764 2.0991
                            Haut 0.0404
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                       Hepatisch 0.0048
                                               0.0194
                                                             0.2451 4.0800
15
                            Herz 0.0244
                                               0.1375
                                                             0.1773 5.6394
                           Hoden 0.0230
                                               0.0234
                                                             0.9839 1.0163
                           Lunge 0.0447
                                               0.0470
                                                             0.9498 1.0528
             Magen-Speiseroehre 0.0097
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0274
                                               0.0300
                                                             0.9138 1.0944
20
                           Niere 0.0516
                                               0.0342
                                                             1.5068 0.6637
                        Pankreas 0.0215
                                               0.0221
                                                             0.9722 1.0286
                           Penis 0.0090
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                        Prostata 0.0458
                                               0.0277
                                                             1.6535 0.6048
             Uterus Endometrium 0.0608
                                               0.2111
                                                             0.2881 3.4714
25
              Uterus Myometrium 0.0457
                                               0.0000
                                                            undef 0.0000
undef 0.0000
               Uterus allgemein 0.0153
                                               0.0000
              Brust-Hyperplasie 0.0128
           Prostata-Hyperplasie 0.0595
                      Samenblase 0.0000
30
                   Sinnesorgane 0.0353
         Weisse Blutkoerperchen 0.1006
                          Zervix 0.0000
                                 FOETUS
35
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0417
              Gastrointenstinal 0.0222
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0157
40
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0260
              Herz-Blutgefaesse 0.0071
                           Lunge 0.0036
                     Nebenniere 0.0000
45
                           Niere 0.0062
                        Placenta 0.0545
                       Prostata 0.0249
                   Sinnesorgane 0.0000
50
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
                    Eierstock_n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0000
55
              Endokrines Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0151
               Gastrointestinal 0.0122
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0194
60
                          Hoden 0.0000
                          Lunge 0.0164
                         Nerven 0.0060
                       Prostata 0.0068
                   Sinnesorgane 0.0000
65
                       Uterus_n 0.0000
```

5	Plana	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	
-	Brust	0.0078 0.0179	0.0128	0.6102 1.6389
	Duenndarm	0.0179	0.0150	1.1909 0.8397
	Eierstock	0.0213	0.0165 0.0208	1.2976 0.7707
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0208	2.0147 0.4964
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0370	1.5849 0.6309
	Gehirn	0.0067	0.0236	0.4142 2.4145
	Haematopoetisch	0.0361	0.0000	0.2817 3.5496 undef 0.0000
	Haut	0.0220	0.1695	0.1300 7.6946
16	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15		0.0244	0.0000	undef 0.0000
		0.0058	0.0468	0.1230 8.1305
	Lunge	0.0145	0.0143	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303 1.5866
20	Muskel-Skelett		0.0120	1.7133 0.5837
	Pankreas		0.0068	2.7756 0.3603
	Panic		0.0387	0.3846 2.6000
	Prostata	•	0.0267	1.0108 0.9893
	Uterus_Endometrium	0 0105	0.0490	0.8011 1.2483
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein		0.0068	7.8559 0.1273
	Brust-Hyperplasie	0.0611	0.0954	0.6405 1.5613
	Prostata-Hyperplasie	0.0096		
	Samenblase	0.0238		
30	Sinnesorgane	0.0173		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251		
	Zervix	0.0213		
26		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0557		
	Gastrointenstinal	0.0305		
	Gehirn	0.0063		
40	Haematopoetisch			
••	Haut (
	Herzellutzafassa	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse (0.0285		•
	Lunge (Nebenniere (0.0181		
45	Niere (
	Placenta (0.03/1		
	Prostata (0.0242		
	Sinnesorgane (0.0249		
50	N	ORMIERTE/SUBT	RAHIERTE BIDI	CTHEVEN
	**	Haeufigkeit	DIBL	LOTHEKEN
	Brust 0	. 0272		
,	Eierstock n 0	.0000		
55	Eierstock t O	.0101		• 0
55	Endokrines_Gewebe 0	.0000		
	Foetal 0	.0099		•
	Gastrointestinal 0	.0000		
	Haematopoetisch 0	.0000		
60	Haut-Muskel 0	.0000		
00	Hoden 0	.0000		
	Lunge 0	.0082		
	Nerven 0	. 0020		
	Prostata 0	. 0205		•
65	Sinnesorgane 0	. 0000		
	Uterus_n 0	. 0000		

```
NORMAL
                                                 TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                    T/N
   5
                            Blase 0.0234
                                                0.0153
                                                              1.5254 0.6555
                            Brust 0.0166
                                                0.0395
                                                              0.4213 2.3737
                        Duenndarm 0.0123
                                                0.0331
                                                              0.3707 2.6973
                        Eierstock 0.0329
                                                0.0260
                                                              1.2664 0.7897
               Endokrines Gewebe 0.0238
                                                              4.7547 0.2103
                                                0.0050
  10
                Gastrointestinal 0.0153
                                                0.0185
                                                              0.8283 1.2072
                           Gehirn 0.0081
                                                0.0144
                                                              0.5657 1.7678
                 Haematopoetisch 0.0134
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                             Haut 0.0184
                                                0.0847
                                                              0.2166 4.6168
                       Hepatisch 0.0476
                                                0.0065
                                                              7.3530 0.1360
 15
                             Herz 0.0148
                                                0.0687
                                                              0.2159 4.6324
                            Hoden 0.0575
                                                0.0234
                                                              2.4599 0.4065
                            Lunge 0.0270
                                                0.0041
                                                              6.6045 0.1514
              Magen-Speiseroehre 0.0483
                                                0.0307
                                                              1.5757 0.6347
                  Muskel-Skelett 0.0051
                                                0.0240
                                                              0.2142 4.6693
 20
                           Niere 0.0217
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                         Pankreas 0.0033
                                                0.0110
                                                              0.2991 3.3428
                           Penis 0.0120
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                        Prostata 0.0065
                                                0.0064
                                                              1.0236 0.9769
              Uterus Endometrium 0.0135
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
 25
               Uterus_Myometrium 0.0305
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
                Uterus_allgemein 0.0306
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
               Brust-Hyperplasie 0.0064
            Prostata-Hyperplasie 0.0059
                      Samenblase 0.0000
 30
                    Sinnesorgane 0.0706
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0269
                          Zervix 0.0319
                                  FOETUS
 35
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0111
                          Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0079
40
                            Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0107
                           Lunge 0.0181
                     Nebenniere 0.0000
45
                           Niere 0.0124
                        Placenta 0.0364
                       Prostata 0.0249
                   Sinnesorgane 0.0000
50
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                          Brust 0.0068
                    Eierstock_n 0.1595
              Eierstock_t 0.0911
Endokrines_Gewebe 0.0000
55
                         Foetal 0.0122
               Gastrointestinal 0.0244
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0065
60
                          Hoden 0.0231
                          Lunge 0.0000
                         Nerven 0.0060
                       Prostata 0.0068
                   Sinnesorgane 0.0077
65
                       Uterus_n 0.0125
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	D1	*Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
_	DIASE	0.0039 0.0115	0.0153	0.2542 3.9333
	Duenndarm	0.0115	0.0169	0.6805 1.4694
	Eierstock	0.0153	0.0165	0.9268 1.0789
	Endokrines_Gewebe	0.0120	0.0078	1.5350 0.6515
10	Gastrointestinal	0.0102	0.0276	0.3705 2.6991
		0.0249	0.0093	2.6921 0.3715
	Haematopoetisch		0.0082	1.3499 0.7408
		0.0147	0.0000 0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0129	undef 0.0000
15		0.0074	0.0000	1.4706 0.6800
		0.0403	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0104	0.0123	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.8467 1.1810
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.0000 undef 0.4283 2.3347
20		0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496 6.6857
		0.0060	0.0533	0.1123 8.9035
	Prostata	0.0044	0.0192	0.2275 4.3961
25	Uterus_Endometrium	0.0000		undef undef
25	Uterus_Myometrium	0.0381		undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0357		undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
30	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0650		
	Zervix	0.0106		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000	•	
	Gastrointenstinal	0.0222		
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40		0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		•
	Lunge	0.0108		
4.5	Nebenniere	0.1014		
45	Niere			
	Placenta (
	Prostata (0.000		
	Sinnesorgane (0.0251		
50				
50	, i	NORMIERTE/SUBT	RAHIERTE BIBL	IOTHEKEN
	1	snaeurigkeit	,	
	Brust (0.0544		•
	Eierstock_n (0.0000		
55	Eierstock_t (Endokrines_Gewebe (0.0000		
32	Foetal 0	. 0000		
	Gastrointestinal 0	0.0280		4
	Haematopoetisch 0	1 0057		
	Haut-Muskel 0	1.0037		
60	Hoden 0	0077		
	Lunge 0			
	Nerven 0	0151		
	Prostata 0	.0000		
	Sinnesorgane 0	.0000		
65	Uterus n 0	.0250		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit		
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Brust	0.0217	0.0094	2.3138 0.4322
•	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0026	4.6050 0.2172
• •	Endokrines_Gewebe		0.0100	0.6792 1.4722
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0082	1.3499 0.7408
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	1.4706 0.6800
15		0.0032	0.0000	undef 0.0000
13		0.0000	0.0117	0.0000 undef
		0.0312	0.0123	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0060	2.8555 0.3502
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965 2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496 6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	· · ·	0.0106	1.2284 0.8141
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
30	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen Zervix			
	Betvix	0.0100		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			•
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	Lunge Nebenniere	0.0108		
45		0.0000		
+3	Placenta			•
	Prostata			
	Sinnesorgane			
50		NORMIERTE/SUI	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0612		
	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
55	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60		0.0000		
		0.0000		
	Nerven			
	Prostata			
65	Sinnesorgane Uterus n			
U.J	oterus_n	0.0000		

		NORMAL	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
5	Blase	0.0585	0.0613	N/T T/N 0.9534 1.0489
		0.0307	0.0789	0.3889 2.5715
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0479	0.0364	1.3157 0.7600
	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0627	0.8423 1.1873
10	Gastrointestinal	0.0326	0.0509	0.6401 1.5623
	Gehirn	0.0407	0.0575	0.7071 1.4142
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0367	0.0000	undef 0.0000
1.5	Hepatisch		0.0518	0.6434 1.5543
15		0.0477	0.0825	0.5782 1.7294
		0.0518	0.0585	0.8856 1.1292
	Magen-Speiseroehre	0.0602	0.0368	1.6370 0.6109
	Muskel-Skelett		0.0613 0.0240	0.6303 1.5866
20		0.0299	0.0240	1.3564 0.7373 0.6231 1.6049
20	Pankreas		0.0442	0.4113 2.4312
		0.0240	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0660	0.6604 1.5142
	Uterus Endometrium		0.7916	0.1622 6.1662
25	Uterus Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934 0.3713
	Uterus_allgemein	0.0611	0.0954	0.6405 1.5613
	Brust-Hyperplasie	0.0416		
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0319		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		•
33	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch	0.0551		
40	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0260		
	Herz-Blutgefaesse	0.0107		•
		0.0289		
4.5	Nebenniere			
45		0.0556		
	Placenta	· -		•
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0120		
50		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BIE	II.TOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0612	•	
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0354		
55	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
.	Haut-Muskel			
60		0.1080		
	2	0.0164		
	Nerven			
	Prostata Sinnesorgane			
65	Uterus n			
0 5	oreins_n	0.0430		•

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                    T/N
   5
                            Blase 0.1560
                                                0.0460
                                                             3.3899 0.2950
                           Brust 0.1113
                                                0.0414
                                                             2.6912 0.3716
                       Duenndarm 0.0491
                                               0.0165
                                                             2.9659 0.3372
                       Eierstock 0.0629
                                               0.0416
                                                             1.5110 0.6618
               Endokrines_Gewebe 0.0341
                                               0.0527
                                                             0.6469 1.5458
  10
                Gastrointestinal 0.0824
                                               0.0139
                                                             5.9364 0.1685
                          Gehirn 0.0140
                                               0.0585
                                                             0.2400 4.1669
                 Haematopoetisch 0.0174
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                            Haut 0.1689
                                               0.0847
                                                             1.9927 0.5018
                       Hepatisch 0.0904
Herz 0.0233
                                               0.0259
                                                             3.4927 0.2863
 15
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                           Hoden 0.0288
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                           Lunge 0.0592
                                               0.0286
                                                             2.0684 0.4835
              Magen-Speiseroehre 0.0097
                                               0.0307
                                                             0.3151 3.1733
                  Muskel-Skelett 0.0891
                                               0.1080
                                                             0.8249 1.2122
 20
                           Niere 0.0407
                                               0.0137
                                                             2.9739 0.3363
                        Pankreas 0.0248
                                               0.0166
                                                             1.4957 0.6686
                           Penis 0.0629
                                               0.0267
                                                            2.3586 0.4240
                        Prostata 0.1700
                                               0.0873
                                                            1.9474 0.5135
              Uterus_Endometrium 0.0203
                                               0.0528
                                                            0.3841 2.6035
 25
               Uterus_Myometrium 0.0381
                                               0.0000
                                                            undef 0.0000
               Uterus_allgemein 0.0357
                                               0.0000
                                                            undef 0.0000
               Brust-Hyperplasie 0.0639
            Prostata-Hyperplasie 0.1040
                      Samenblase 0.0623
 30
                    Sinnesorgane 0.1059
         Weisse_Blutkoerperchen 0.2150
                          Zervix 0.2555
                                 FOETUS
 35
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0139
              Gastrointenstinal 0.0139
                         Gehirn 0.0063
                Haematopoetisch 0.0118
40
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0036
                          Lunge 0.0361
                     Nebenniere 0.0507
45
                          Niere 0.0000
                       Placenta 0.0424
                       Prostata 0.0249
                   Sinnesorgane 0.0377
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                          Brust 0.0408
                    Eierstock_n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0608
55
              Endokrines_Gewebe 0.0245
                        Foetal 0.0070
              Gastrointestinal 0.0488
               Haematopoetisch 0.0057
                   Haut-Muskel 0.0065
60
                         Hoden 0.0154
                         Lunge 0.0082
                        Nerven 0.0181
                      Prostata 0.0274
                  Sinnesorgane 0.0774
65
                      Uterus n 0.0125
```

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                            Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                 T/N
 5
                          Blase 0.0741
                                              0.0665
                                                            1.1147 0.8971
                          Brust 0.0384
                                              0.0376
                                                            1.0208 0.9796
                      Duenndarm 0.0307
                                              0.0662
                                                            0.4634 2.1579
                      Eierstock 0.0389
                                              0.0182
                                                            2.1380 0.4677
              Endokrines Gewebe 0.0715
                                              0.0978
                                                            0.7315 1.3671
10
               Gastrointestinal 0.0268
                                              0.0139
                                                            1.9328 0.5174
                         Gehirn 0.1878
                                              0.2331
                                                            0.8056 1.2413
                Haematopoetisch 0.0241
                                              0.0379
                                                            0.6352 1.5743
                          Haut 0.0220
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                      Hepatisch 0.0761
                                              0.0776
                                                            0.9804 1.0200
15
                           Herz 0.0212
                                              0.2474
                                                            0.0857 11.6735
                          Hoden 0.1496
                                              0.0351
                                                            4.2638 0.2345
                          Lunge 0.0229
                                              0.0204
                                                            1.1177 0.8947
            Magen-Speiseroehre 0.0387
                                              0.0230
                                                            1.6807 0.5950
                 Muskel-Skelett 0.1370
                                              0.0600
                                                            2.2844 0.4378
20
                         Niere 0.0299
                                              0.0274
                                                            1.0904 0.9171
                       Pankreas 0.0297
                                              0.0166
                                                            1.7949 0.5571
                         Penis 0.0569
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                       Prostata 0.0588
                                                           1.3161 0.7598
                                              0.0447
             Uterus Endometrium 0.0338
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
25
             Uterus Myometrium 0.1525
                                              0.0204
                                                           7.4818 0.1337
              Uterus allgemein 0.0407
                                              0.1908
                                                           0.2135 4.6839
              Brust-Hyperplasie 0.0224
           Prostata-Hyperplasie 0.0268
                    Samenblase 0.2314
30
                   Sinnesorgane 0.0706
        Weisse Blutkoerperchen 0.0035
                         Zervix 0.0745
                                FOETUS
35
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0278
             Gastrointenstinal 0.0417
                         Gehirn 0.0313
               Haematopoetisch 0.0000
40
                          Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0260
             Herz-Blutgefaesse 0.0071
                         Lunge 0.0181
                    Nebenniere 0.0254
45
                         Niere 0.0371
                       Placenta 0.0182
                      Prostata 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0126
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                         Brust 0.0816
                   Eierstock_n 0.0000
                   Eierstock_t 0.2025
55
             Endokrines_Gewebe 0.0979
                        Foetal 0.0361
              Gastrointestinal 0.0122
               Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0032
60
                         Hoden 0.0154
                         Lunge 0.0082
                        Nerven 0.0653
                      Prostata 0.0137
                  Sinnesorgane 0.0542
65
                     Uterus_n 0.0208
```

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                            Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                          Blase 0.0273
 5
                                              0.0537
                                                            0.5085 1.9666
                          Brust 0.0256
                                              0.0376
                                                            0.6805 1.4694
                      Duenndarm 0.0337
                                              0.0496
                                                           0.6797 1.4713
                      Eierstock 0.0180
                                              0.0208
                                                           0.8634 1.1582
              Endokrines Gewebe 0.0221
                                              0.0276
                                                           0.8027 1.2457
10
               Gastrointestinal 0.0230
                                              0.0139
                                                           1.6567 0.6036
                         Gehirn 0.0214
                                              0.0349
                                                           0.6141 1.6284
                Haematopoetisch 0.0374
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                           Haut 0.0184
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
                                              0.0453
                                                           0.0000 undef
15
                           Herz 0.0477
                                              0.0412
                                                           1.1565 0.8647
                          Hoden 0.0173
                                                           1.4759 0.6775
                                              0.0117
                          Lunge 0.0229
                                              0.0143
                                                           1.5967 0.6263
            Magen-Speiseroehre 0.0193
                                              0.0230
                                                           0.8404 1.1900
                 Muskel-Skelett 0.0308
                                              0.0360
                                                           0.8567 1.1673
20
                          Niere 0.0109
                                              0.0137
                                                           0.7930 1.2610
                       Pankreas 0.0231
                                              0.0994
                                                           0.2327 4.2979
                          Penis 0.0180
                                              0.0533
                                                           0.3369 2.9678
                       Prostata 0.0610
                                              0.0873
                                                           0.6991 1.4305
            Uterus Endometrium 0.0878
                                              0.2111
                                                           0.4161 2.4032
25
             Uterus_Myometrium 0.0838
                                              0.0272
                                                           3.0862 0.3240
              Uterus allgemein 0.0560
                                              0.0954
                                                           0.5871 1.7032
              Brust-Hyperplasie 0.0256
           Prostata-Hyperplasie 0.0297
                     Samenblase 0.0445
30
                   Sinnesorgane 0.0941
        Weisse Blutkoerperchen 0.0147
                         Zervix 0.0319
                                FOETUS
35
                                %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0278
             Gastrointenstinal 0.0583
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0197
40
                          Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0071
                          Lunge 0.0253
                     Nebenniere 0.0000
45
                          Niere 0.0000
                       Placenta 0.0667
                       Prostata 0.0499
                   Sinnesorgane 0.0000
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                          Brust 0.1497
                    Eierstock_n 0.0000
                    Eierstock_t 0.1418
55
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0210
              Gastrointestinal 0.0244
                Haematopoetisch 0.0171
                    Haut-Muskel 0.0648
60
                          Hoden 0.0000
                          Lunge 0.0164
                         Nerven 0.0100
                       Prostata 0.0547
                   Sinnesorgane 0.0077
65
                       Uterus_n 0.0333
```

5 10	Brust Duenndarm Eierstock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch Haut Hepatisch	0.0429 0.0051 0.0153 0.0030 0.0000 0.0172 0.0007 0.0027 0.0000 0.0000	TUMOR %Haeufigkeit 0.0077 0.0056 0.0000 0.0078 0.0050 0.0046 0.0051 0.0000 0.0000	5.5933 0.1788 0.9074 1.1021 undef 0.0000 0.3838 2.6058 0.0000 undef 3.7275 0.2683 0.1440 6.9448 undef 0.0000 undef undef 0.0000 undef
13	Hoden	0.0085 0.0173 0.0021 0.0000 0.0017	0.0137 0.0000 0.0041 0.0077 0.0000	0.6168 1.6213 undef 0.0000 0.5080 1.9684 0.0000 undef undef 0.0000
20	Niere Pankreas Penis Prostata	0.0000 0.0000 0.0090 0.0065	0.0000 0.0055 0.0000 0.0043	undef undef 0.0000 undef undef 0.0000 1.5354 0.6513
	Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie	0.0991 0.0204 0.0032 0.0059	0.0000 0.0136 0.0000	undef 0.0000 7.2947 0.1371 undef 0.0000
30	Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix	0.0000 0.0009		
35	Entwicklung	FOETUS %Haeufigkeit 0.0000	,	
40		0.0000 0.0000 0.0000		
<i>15</i>	Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere	0.0036 0.0145 0.0000		
45	Niere Placenta Prostata Sinnesorgane	0.0000 0.0000		
50	Brust Eierstock n	0.0000		LIOTHEKEN
55	Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch	0.0245 0.0006 0.0000 0.0000		
60	Haut-Muskel Hoden Lunge Nerven Prostata	0.0000 0.0000 0.0000		
65	Sinnesorgane Uterus_n			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0117	0.0128	0.9153 1.0926
		0.0115	0.0075	1.5312 0.6531
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0026	5.7563 0.1737
	Endokrines_Gewebe		0.0100	0.3396 2.9444
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0133	0.8307 1.2038
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0042	0.0550	0.0771 12.9706
	Hoden	0.0288	0.0351	0.8200 1.2196
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781 0.5624
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139 1.4008
20	Niere	0.0081	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0276	0.2991 3.3428
	Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0170	0.8957 1.1165
	Uterus Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef 0.0000
	Uterus allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie		0.0000	under 0.0000
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
50	Weisse Blutkoerperchen			
	Zervix			
	Zelvix	0.0100		
		FOETUS		
35				
33	Entri oblina	%Haeufigkeit		
	Entwicklung Gastrointenstinal			
	Gehirn			
40	Haematopoetisch			
40		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0217		
4.5	Nebenniere			
45		0.0062		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0251		
60 :				
50			TRAHIERTE BIB	LIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0340		
	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0076		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0228		
	Haut-Muskel			
60		0.0077		
		0.0000		
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
65	Uterus n			
	ocerus_n	0.0291		

5		0.0858 0.0972	TUMOR %Haeufigkeit 0.0844 0.1053 0.0496	1.0170 0.9833 0.9236 1.0828
10	Eierstock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal	0.1677 0.0528	0.0676 0.0602 0.1573 0.1171	1.5447 0.6474 2.4796 0.4033 0.8774 1.1398 0.5360 1.8657 0.6758 1.4798
	Haematopoetisch	0.1043 0.0734	0.0758 0.0847 0.1423	1.3762 0.7266 0.8664 1.1542 0.2005 4.9866
15	Hoden	0.0774 0.0460 0.0582	0.0550 0.1286 0.0634 0.0920	1.4070 0.7107 0.3578 2.7949 0.9177 1.0896
20	Muskel-Skelett Niere Pankreas	0.0702 0.0380 0.0578	0.1500 0.1232 0.1988	0.6303 1.5866 0.4683 2.1354 0.3084 3.2425 0.2908 3.4383
25	Penis Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium	0.0541	0.0533 0.1277 0.0000 0.0679	0.7862 1.2719 1.0577 0.9454 undef 0.0000 2.2445 0.4455
	Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase	0.1579 0.0767 0.1367	0.1908	0.8273 1.2088
30	Sinnesorgane Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix	0.0235 0.0850		
35	Entwicklung	FOETUS %Haeufigkeit		
	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch	0.1138 0.1439		
40	Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse	0.0000 0.0260		. · · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
45	Nebenniere	0.0761 0.1112 0.0667		
50	Sinnesorgane		TRAHIERTE BIB	I TOTHEKEN
	Brust Eierstock_n	%Haeufigkeit 0.0204 0.0000		·
55	Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch	0.0245 0.0029 0.0244 0.0000		
60	Lunge Nerven	0.0309 0.0000 0.0211		
65	Prostata Sinnesorgane Uterus_n	0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Vorbaoltaine
_		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896 0.9178
	Brust	0.0230	0.0150	1.5312 0.6531
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561 1.7982
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0201	0.4245 2.3555
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0257	0.2304 4.3405
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0184	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch		0.0065	2.9412 0.3400
13		0.0127	0.0000	undef 0.0000
		0.0230	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0229	0.0286	0.7983 1.2526
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605 0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422 0.8755
20	Niere	0.0109	0.0411	0.2643 3.7829
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
		0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0327	0.0213	1.5354 0.6513
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096		
	Prostata-Hyperplasie	0.0416		
30	Samenblase	0.0445		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1119		
	Zervix	0.0319		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0 0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge			
	Nebenniere			
45	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0121		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0251		
50				
30	1	NORMIERTE/SUBT	RAHIERTE BIBL	IOTHEKEN
	•	Haeufigkeit		
	Brust (0.0272		,
	Eierstock_n (0.0000		
55	Eierstock_t (0.0051		
23	Endokrines_Gewebe (0.0000		
	Foetal (0.0146		
	Gastrointestinal (0.000		
	Haematopoetisch (0.0000		
60	Haut-Muskel (
oo	Hoden (
	Lunge 0	.0000		
	Nerven 0			
	Prostata 0	.0137		
65	Sinnesorgane 0	.0929		
05	Uterus_n 0	.0250		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	Blaco	*Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
		0.0038	0.0051	0.0000 undef
	Duenndarm		0.0019	2.0416 0.4898
	Eierstock	0.0030	0.0000 0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	undef undef
	Gehirn	0.0067	0.0051	0.2071 4.8289
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	1.2959 0.7716
		0.0037	0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
13		0.0000	0.0137	0.0000 undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467 1.1810
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	A A 4 A A	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium	0 0000	0.0043	2.5591 0.3908
25 ·	Uterus_Myometrium		0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032	0.0000	undef undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		•
	Zervix	0.0000		
				•
35		FOETUS		
	Entwicklung	%Haeufigkeit		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn			
	Haematopoetisch	0.0003		
40		0.0000		
	Hepatisch	0.0000		,
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere			
45	Niere (•
	Placenta (
	Prostata (0.0000		
	Sinnesorgane (0.0000		
50	4	ORMIERTE / CHET	DAUTEDME S	
	• 9	NORMIERTE/SUBT Haeufigkeit	KAHIERTE BIBL	Iotheken
	Brust (0.000		
	Eierstock_n (0.000		•
55	Eierstock_t 0	0.0051		
55	Endokrines_Gewebe 0	0.000		
	Foetal 0	.0023		•
	Gastrointestinal 0	0000		
	Haematopoetisch 0	.0114		
60	Haut-Muskel 0	. 0065		•
	Hoden 0			
	Lunge 0			
	Nerven 0			
	Prostata 0 Sinnesorgane 0	.0121		
65	Uterus_n 0	0000		
	000103_11 0	. 0000		

WO 99/54353 PCT/DE99/01175

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
 5
                          Blase 0.0156
                                              0.0383
                                                           0.4068 2.4583
                          Brust 0.0563
                                              0.0226
                                                           2.4953 0.4008
                      Duenndarm 0.0184
                                                           undef 0.0000
                                              0.0000
                      Eierstock 0.0389
                                              0.0026
                                                           14.9663
                                                                         0.0668
             Endokrines Gewebe 0.0068
                                              0.0075
                                                           0.9057 1.1042
10
              Gastrointestinal 0.0211
                                              0.0093
                                                           2.2779 0.4390
                         Gehirn 0.0170
                                              0.0246
                                                           0.6900 1.4494
               Haematopoetisch 0.0013
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                           Haut 0.0661
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
                                              0.0065
                                                           0.0000 undef
15
                           Herz 0.0170
                                              0.0137
                                                           1.2336 0.8107
                          Hoden 0.0115
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                          Lunge 0.0197
                                              0.0102
                                                           1.9305 0.5180
            Magen-Speiseroehre 0.0290
                                                           undef 0.0000
undef 0.0000
                                              0.0000
                Muskel-Skelett 0.0086
                                              0.0000
20
                          Niere 0.0163
                                              0.0342
                                                           0.4758 2.1016
                       Pankreas 0.0099
                                              0.0221
                                                           0.4487 2.2286
                          Penis 0.0629
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                      Prostata 0.0501
                                              0.0192
                                                           2.6159 0.3823
            Uterus_Endometrium 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
25
             Uterus Myometrium 0.0457
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
              Uterus_allgemein 0.0458
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
             Brust-Hyperplasie 0.0288
          Prostata-Hyperplasie 0.0178
                    Samenblase 0.0623
30
                  Sinnesorgane 0.0000
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                         Zervix 0.0106
                                FOETUS
35
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0000
                        Gehirn 0.0000
               Haematopoetisch 0.0000
40
                          Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0000
                         Lunge 0.0000
                    Nebenniere 0.0000
45
                         Niere 0.0000
                      Placenta 0.0000
                      Prostata 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0000
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                         Brust 0.0136
                   Eierstock n 0.0000
                   Eierstock t 0.0051
55
             Endokrines Gewebe 0.0245
                        Foetal 0.0006
              Gastrointestinal 0.0122
               Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0000
60
                         Hoden 0.0154
                         Lunge 0.0000
                        Nerven 0.0030
                      Prostata 0.0205
                  Sinnesorgane 0.0000
65
                      Uterus n 0.0042
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
-			%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0117	0.0026	4.5763 0.2185
		0.0026	0.0075	0.3403 2.9389
	. Duenndarm		0.0000	undef undef
	Eierstock		0.0208	0.1439 6.9489
	Endokrines_Gewebe		0.0025	3.3962 0.2944
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129 1.2302
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20		0.0136	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236 0.9769
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef 0.0000
	Uterus allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie		0.000	dider dider
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
	Zervix			
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn	0.0000		•
	Haematopoetisch			
40		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	——————————————————————————————————————	0.0000		
	Nebenniere		•	
45	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0000		
	Prostata		•	
	Sinnesorgane			
	3 - 1 - 2			
50		NORMIERTE/SUB	TRAHIERTE BIE	LIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0136		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock t	0.1418		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60		0.0154		
	Lunge			
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
65	Uterus n			
	000203_11			

```
NORMAL
                                               TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                 T/N
  5
                           Blase 0.0468
                                               0.0690
                                                            0.6780 1.4750
                           Brust 0.0153
                                               0.0113
                                                             1.3611 0.7347
                       Duenndarm 0.0245
                                               0.0165
                                                            1.4830 0.6743
                       Eierstock 0.0030
                                               0.0130
                                                            0.2303 4.3431
               Endokrines_Gewebe 0.0068
                                                            0.4528 2.2083
                                               0.0150
 10
                Gastrointestinal 0.0057
                                               0.0139
                                                            0.4142 2.4145
                          Gehirn 0.2417
                                               0.1489
                                                            1.6236 0.6159
                 Haematopoetisch 0.0388
                                               0.0379
                                                            1.0234 0.9772
                           Haut 0.0110
                                               0.0000
                                                            undef 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
                                               0.0194
                                                            0.0000 undef
 15
                            Herz 0.0710
                                               0.0000
                                                            undef 0.0000
                           Hoden 0.4430
                                               0.0000
                                                            undef 0.0000
                           Lunge 0.0686
                                               0.0470
                                                            1.4578 0.6859
             Magen-Speiseroehre 0.0193
                                               0.0383
                                                            0.5042 1.9833
                 Muskel-Skelett 0.0188
                                              0.0300
                                                            0.6282 1.5918
 20
                          Niere 0.0299
                                               0.0411
                                                            0.7270 1.3756
                        Pankreas 0.0066
                                              0.0442
                                                            0.1496 6.6857
                           Penis 0.0269
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                       Prostata 0.1547
                                              0.0596
                                                            2.5956 0.3853
             Uterus_Endometrium 0.0405
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
 25
              Uterus_Myometrium 0.1143
                                              0.0340
                                                            3.3668 0.2970
               Uterus_allgemein 0.0611
                                              0.5725
                                                            0.1067 9.3678
              Brust-Hyperplasie 0.0096
           Prostata-Hyperplasie 0.1962
                     Samenblase 0.2492
30
                   Sinnesorgane 0.0588
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0017
                         Zervix 0.2768
                                 FOETUS
35
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0111
                        Gehirn 0.0438
                Haematopoetisch 0.0118
40
                          Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0107
                          Lunge 0.0000
                     Nebenniere 0.0000
45
                         Niere 0.0000
                       Placenta 0.0667
                       Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0126
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                         Brust 0.0340
                   Eierstock_n 0.0000
                   Eierstock_t 0.0354
55
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                        Foetal 0.0041
              Gastrointestinal 0.0000
               Haematopoetisch 0.0057
                   Haut-Muskel 0.0000
60
                         Hoden 0.0309
                         Lunge 0.0328
                        Nerven 0.0512
                      Prostata 0.0547
                  Sinnesorgane 0.0000
65
                      Uterus_n 0.0000
```

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                            Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
 5.
                          Blase 0.0195
                                              0.0128
                                                           1.5254 0.6555
                          Brust 0.0435
                                              0.0244
                                                            1.7798 0.5618
                      Duenndarm 0.0184
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                      Eierstock 0.0120
                                              0.0130
                                                            0.9210 1.0858
              Endokrines_Gewebe 0.0085
                                              0.0075
                                                            1.1321 0.8833
10
               Gastrointestinal 0.0057
                                              0.0139
                                                            0.4142 2.4145
                         Gehirn 0.0140
                                              0.0092
                                                            1.5199 0.6579
                Haematopoetisch 0.0080
Haut 0.0147
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                      Hepatisch 0.0143
                                              0.0388
                                                            0.3676 2.7200
15
                           Herz 0.0413
                                                            3.0068 0.3326
                                              0.0137
                          Hoden 0.0173
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                          Lunge 0.0145
                                              0.0082
                                                            1.7781 0.5624
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                              0.0153
                                                            0.0000 undef
                 Muskel-Skelett 0.0223
                                              0.0180
                                                            1.2374 0.8082
20
                          Niere 0.0054
                                              0.0137
                                                            0.3965 2.5219
                       Pankreas 0.0099
                                                            undef 0.0000
undef 0.0000
                                              0.0000
                          Penis 0.0180
                                              0.0000
                       Prostata 0.0218
                                              0.0213
                                                            1.0236 0.9769
             Uterus Endometrium 0.0270
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
25
              Uterus Myometrium 0.0838
                                              0.0204
                                                            4.1150 0.2430
              Uterus_allgemein 0.0458
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
              Brust-Hyperplasie 0.0256
           Prostata-Hyperplasie 0.0059
                    Samenblase 0.0089
30
                   Sinnesorgane 0.0000
         Weisse Blutkoerperchen 0.0000
                         Zervix 0.0319
                                FOETUS
35
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0000
                         Gehirn 0.0000
               Haematopoetisch 0.0000
40
                          Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0071
                         Lunge 0.0072
                    Nebenniere 0.0000
45
                          Niere 0.0247
                       Placenta 0.0303
                       Prostata 0.1247
                  Sinnesorgane 0.0000
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                          Brust 0.2585
                   Eierstock_n 0.0000
                   Eierstock t 0.0759
55
             Endokrines_Gewebe 0.0490
                        Foetal 0.0163
              Gastrointestinal 0.0244
               Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0421
60
                         Hoden 0.0463
                         Lunge 0.0246
                        Nerven 0.0090
                      Prostata 0.0137
                  Sinnesorgane 0.2168
65
                      Uterus_n 0.0291
```

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
 5
                          Blase 0.0546
                                              0.0537
                                                           1.0170 0.9833
                          Brust 0.0473
                                              0.0207
                                                           2.2890 0.4369
                      Duenndarm 0.0061
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                      Eierstock 0.0210
                                                           2.0147 0.4964
                                              0.0104
             Endokrines_Gewebe 0.0119
                                              0.0226
                                                           0.5283 1.8928
10
              Gastrointestinal 0.0211
                                              0.0231
                                                           0.9112 1.0975
                        Gehirn 0.0067
                                              0.0246
                                                           0.2700 3.7039
               Haematopoetisch 0.0053
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                           Haut 0.0147
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                      Hepatisch 0.0143
                                              0.0194
                                                           0.7353 1.3600
15
                           Herz 0.0021
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                          Hoden 0.0058
                                              0.0117
                                                           0.4920 2.0326
                          Lunge 0.0343
                                              0.0020
                                                           16.7651
                                                                         0.0596
            Magen-Speiseroehre 0.0193
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                Muskel-Skelett 0.0206
                                              0.0420
                                                           0.4895 2.0428
20
                          Niere 0.0109
                                              0.0068
                                                           1.5861 0.6305
                       Pankreas 0.0083
                                              0.0055
                                                           1.4957 0.6686
                          Penis 0.0060
                                              0.0267
                                                           0.2246 4.4517
                       Prostata 0.0458
                                              0.0426
                                                           1.0748 0.9304
            Uterus_Endometrium 0.0068
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
25
             Uterus Myometrium 0.0305
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
              Uterus allgemein 0.0153
                                              0.1908
                                                           0.0801 12.4905
             Brust-Hyperplasie 0.0192
          Prostata-Hyperplasie 0.0238
                     Samenblase 0.0000
30
                  Sinnesorgane 0.0118
        Weisse Blutkoerperchen 0.0720
                         Zervix 0.0319
35
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0139
                        Gehirn 0.0000
               Haematopoetisch 0.0118
40
                          Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0000
                          Lunge 0.0181
                    Nebenniere 0.0000
45
                          Niere 0.0000
                       Placenta 0.0061
                       Prostata 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0502
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                          Brust 0.0748
                   Eierstock n 0.0000
                   Eierstock_t 0.0253
55
             Endokrines Gewebe 0.0735
                        Foetal 0.0012
              Gastrointestinal 0.0122
               Haematopoetisch 0.0171
                   Haut-Muskel 0.0000
60
                          Hoden 0.0000
                          Lunge 0.0000
                        Nerven 0.0060
                      Prostata 0.0274
                  Sinnesorgane 0.0000
65
                      Uterus n 0.0083
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
3		0.0156	0.0153	1.0170 0.9833
		0.0217	0.0226	0.9641 1.0373
	Duenndarm		0.0165	0.7415 1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0338	0.3542 2.8230
10	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0150	1.8113 0.5521
10	Gastrointestinal		0.0046	4.1417 0.2414
		0.0155	0.0216	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch		_0.0758	0.1412 7.0845
		0.0294	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch		0.0194	0.4902 2.0400
13		0.0138	0.0275	0.5011 1.9955
		0.0288	0.0234	1.2299 0.8130
		0.0364	0.0143	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett	0.0580		1.0805 0.9255
20			0.0180	1.0470 0.9551
20		0.0217	0.0411	0.5287 1.8915
	Pankreas		0.0221	0.4487 2.2286
		0.0120		0.2246 4.4517
	Prostata		0.0213	1.6378 0.6106
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000
23	Uterus Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336 0.1485
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie			
30	Samenblase			
30	Sinnesorgane			·
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		
		FORMUC		
35		FOETUS		
JJ	Entwicklung	%Haeufigkeit		
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0325		•
	Nebenniere			•
45	Niere			
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane			•
	corgane	0.0577		
50		NORMIERTE/SUB	TRAHTEDTE DID	LOTUEVEN
		%Haeufigkeit	INMITERIE DID.	LICIALKEN
	Brust			
	Eierstock n			
	Eierstock t	0.0051		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0239		9 *
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch		•	
	Haut-Muskel	0.0227		*
60	Hoden			
	Lunge			
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
65	Uterus n			
	000103_11	0.0072		

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                            Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                 T/N
 5
                          Blase 0.0078
                                              0.0179
                                                            0.4358 2.2944
                          Brust 0.0115
                                              0.0038
                                                            3.0624 0.3265
                      Duenndarm 0.0123
                                              0.0165
                                                            0.7415 1.3487
                      Eierstock 0.0060
                                              0.0130
                                                            0.4605 2.1715
              Endokrines Gewebe 0.0221
                                              0.0201
                                                            1.1038 0.9060
10
               Gastrointestinal 0.0134
                                              0.0139
                                                            0.9664 1.0348
                         Gehirn 0.0185
                                                            0.6923 1.4445
                                              0.0267
                Haematopoetisch 0.0160
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                           Haut 0.0110
                                                            undef 0.0000
                                              0.0000
                      Hepatisch 0.0000
                                              0.0129
                                                            0.0000 undef
15
                           Herz 0.0117
                                              0.0137
                                                            0.8481 1.1791
                          Hoden 0.0173
                                              0.0702
                                                            0.2460 4.0652
                          Lunge 0.0052
                                              0.0164
                                                            0.3175 3.1494
            Magen-Speiseroehre 0.0000
                                              0.0077
                                                            0.0000 undef
                 Muskel-Skelett 0.0171
                                              0.0120
                                                            1.4278 0.7004
20
                          Niere 0.0081
                                              0.0205
                                                            0.3965 2.5219
                       Pankreas 0.0033
                                              0.0331
                                                            0.0997 10.0285
                          Penis 0.0090
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                       Prostata 0.0087
                                              0.0106
                                                            0.8189 1.2211
            Uterus Endometrium 0.0000
                                              0.0000
                                                            undef undef undef 0.0000
25
             Uterus Myometrium 0.0457
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
              Uterus_allgemein 0.0051
                                              0.0000
             Brust-Hyperplasie 0.0096
          Prostata-Hyperplasie 0.0119
                     Samenblase 0.0178
30
                   Sinnesorgane 0.0235
        Weisse Blutkoerperchen 0.0061
                         Zervix 0.0106
                                 FOETUS
35
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0139
             Gastrointenstinal 0.0111
                         Gehirn 0.0125
                Haematopoetisch 0.0236
40
                          Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0534
                          Lunge 0.0145
                     Nebenniere 0.0000
45
                          Niere 0.0000
                       Placenta 0.0364
                       Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                          Brust 0.0136
                    Eierstock_n 0.0000
                    Eierstock t 0.0557
55
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0105
              Gastrointestinal 0.0122
               Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0130
60
                          Hoden 0.0077
                          Lunge 0.0164
                         Nerven 0.0080
                       Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
65
                       Uterus_n 0.0000
```

		TUMOR %Haeufigkei 0.0128 0.0150 0.0000 0.0234	Verhaeltnisse t N/T T/N 1.5254 0.6555 1.0208 0.9796 undef 0.0000 0.8954 1.1168	
Endokrines_Gewebe	0.0136 0.0038 0.0126	0.0100 0.0231 0.0175 0.0000	1.3585 0.7361 0.1657 6.0362 0.7200 1.3890 undef 0.0000	•
Hepatisch 15 Herz	0.0000 0.0143 0.0106 0.0288	0.0000 0.0065 0.0137 0.0351	undef undef 2.2059 0.4533 0.7710 1.2971 0.8200 1.2196	
Lunge Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett	0.0125 0.0000 0.0103	0.0041 0.0153 0.0120	3.0482 0.3281 0.0000 undef 0.8567 1.1673	
Pankreas	0.0150	0.0137 0.0276 0.0267 0.0064	1.1896 0.8406 0.2393 4.1785 0.5616 1.7807 1.3648 0.7327	
Uterus_Endometrium 25 Uterus_Myometrium Uterus_allgemeir Brust-Hyperplasie	0.0762 0.0102	0.0000 0.0068 0.0000	undef 0.0000 11.2227 0.0891 undef 0.0000	
Prostata-Hyperplasie Samenblase 30 Sinnesorgane	0.0030 0.0178 0.0235			
Weisse_Blutkoerpercher Zervix	0.0069 0.0000 FOETUS			
35 Entwicklung Gastrointenstinal				
Haematopoetisch 40 Haut Hepatisch	0.0197 0.0000 0.0000			
Nebenniere	0.0253			
Placenta Prostata Sinnesorgana	0.0000			
50 Brust	NORMIERTE/SUI %Haeufigkeit : 0.0068	BTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN	
Eierstock_r Eierstock_t 55 Endokrines_Gewebe	0.0000 0.0506 0.0490			
roetal Gastrointestinal Haematopoetisch Haut-Muskel	0.0228			
Lunge	0.0309 0.0082 0.0060			
Sinnesorgane 65 Uterus_r	0.0000		• • • • • •	

```
NORMAL
                                                 TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                   T/N
   5
                            Blase 0.0312
                                                0.0179
                                                              1.7434 0.5736
                            Brust 0.0115
                                                0.0132
                                                              0.8750 1.1429
                        Duenndarm 0.0092
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                        Eierstock 0.0120
                                                0.0078
                                                              1.5350 0.6515
               Endokrines_Gewebe 0.0170
                                                0.0050
                                                              3.3962 0.2944
  10
                Gastrointestinal 0.0134
                                                0.0278
                                                              0.4832 2.0695
                           Gehirn 0.0030
                                                0.0051
                                                              0.5760 1.7362
                 Haematopoetisch 0.0094
                                                0.0379
                                                              0.2470 4.0483
                            Haut 0.0220
                                                0.0847
                                                              0.2599 3.8473
                       Hepatisch 0.0000
                                                0.0065
                                                              0.0000 undef
  15
                            Herz 0.0117
                                                0.0412
                                                              0.2827 3.5374
                            Hoden 0.0058
                                                0.0117
                                                              0.4920 2.0326
                           Lunge 0.0052
                                                0.0102
                                                              0.5080 1.9684
              Magen-Speiseroehre 0.0097
                                                0.0153
                                                              0.6303 1.5866
                  Muskel-Skelett 0.0171
                                                             undef 0.0000
                                                0.0000
 20
                           Niere 0.0000
                                                0.0000
                                                              undef undef
                        Pankreas 0.0132
                                                0.0221
                                                             0.5983 1.6714
                           Penis 0.0150
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
                        Prostata 0.0087
                                                0.0128
                                                             0.6824 1.4654
              Uterus_Endometrium 0.0203
                                                0.0000
 25
                                                             undef 0.0000
               Uterus_Myometrium 0.0381
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
undef 0.0000
               Uterus_allgemein 0.0153
                                               0.0000
               Brust-Hyperplasie 0.0064
            Prostata-Hyperplasie 0.0149
                      Samenblase 0.0089
 30
                    Sinnesorgane 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0147
                          Zervix 0.0319
                                 FOETUS
 35
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0139
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
 40
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0036
                          Lunge 0.0000
                     Nebenniere 0.0000
45
                          Niere 0.0000
                       Placenta 0.0182
                       Prostata 0.0748
                   Sinnesorgane 0.0000
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                          Brust 0.0000
                    Eierstock n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0810
55
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0099
               Gastrointestinal 0.0488
               Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0032
60
                          Hoden 0.0309
                          Lunge 0.0164
                        Nerven 0.0070
                       Prostata 0.0068
                  Sinnesorgane 0.0000
65
                      Uterus_n 0.0125
```

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
   5
                                                                   T/N
                            Blase 0.0351
                                                0.0383
                                                              0.9153 1.0926
                            Brust 0.0499
                                                0.1165
                                                             0.4281 2.3360
                        Duenndarm 0.0491
                                                0.0331
                                                             1.4830 0.6743
                       Eierstock 0.0629
                                                0.0728
                                                             0.8634 1.1582
               Endokrines Gewebe 0.0341
                                                0.0100
  10
                                                             3.3962 0.2944
                Gastrointestinal 0.0383
                                                0.1110
                                                             0.3451 2.8974
                          Gehirn 0.0347
                                                0.0339
                                                             1.0254 0.9752
                 Haematopoetisch 0.0401
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
                            Haut 0.0330
                                                0.0847
                                                             0.3899 2.5649
                       Hepatisch 0.0381
                                                0.0453
                                                             0.8403 1.1900
  15
                            Herz 0.0254
                                                0.0550
                                                             0.4626 2.1618
                           Hoden 0.0748
                                                0.1052
                                                             0.7106 1.4072
                           Lunge 0.0384
                                                0.0613
                                                             0.6266 1.5960
              Magen-Speiseroehre 0.0773
                                                0.0613
                                                             1.2605 0.7933
                  Muskel-Skelett 0.0531
                                                0.0360
 20
                                                             1.4753 0.6778
                           Niere 0.0299
                                               0.0753
                                                             0.3965 2.5219
                        Pankreas 0.0083
                                               0.0828
                                                             0.0997 10.0285
                           Penis 0.0240
                                               0.1066
                                                             0.2246 4.4517
                        Prostata 0.0392
                                               0.0298
                                                             1.3161 0.7598
              Uterus_Endometrium 0.0811
                                               0.0000
 25
                                                             undef 0.0000
              Uterus_Myometrium 0.0915
                                               0.0068
                                                             13.4672
                                                                          0.0743
               Uterus allgemein 0.0917
                                               0.0954
                                                             0.9607 1.0409
               Brust-Hyperplasie 0.0192
           Prostata-Hyperplasie 0.0149
                     Samenblase 0.0356
 30
                   Sinnesorgane 0.0823
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0616
                          Zervix 0.0852
                                 FOETUS
 35
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0167
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0197
40
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0178
                          Lunge 0.0217
                     Nebenniere 0.0000
45
                          Niere 0.0062
                       Placenta 0.0364
                       Prostata 0.0249
                   Sinnesorgane 0.0126
50
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                          Brust 0.0340
                   Eierstock_n 0.1595
                   Eierstock_t 0.1114
55
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                        Foetal 0.0134
              Gastrointestinal 0.0366
               Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0032
60
                         Hoden 0.0154
                         Lunge 0.0164
                        Nerven 0.0070
                      Prostata 0.0137
                  Sinnesorgane 0.0077
65
                      Uterus_n 0.0167
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		%Haeufigkeit	_	
5		0.0273	0.0179	1.5254 0.6555
		0.0153	0.0075	2.0416 0.4898
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0078	2.6863 0.3723 0.8491 1.1778
10	Endokrines_Gewebe Gastrointestinal		0.0100 0.0093	1.8638 0.5365
10	Gastronntestinar Gehirn		0.0093	0.8509 1.1753
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0194	0.7353 1.3600
15	<u>-</u>	0.0085	0.0137	0.6168 1.6213
• •		0.0000	0.0117	0.0000 undef
		0.0093	0.0041	2.2862 0.4374
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139 1.4008
20		0.0163	0.0068	2.3791 0.4203
	Pankreas	and the second s	0.0055	0.2991 3.3428
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0106	1.2284 0.8141
25	Uterus_Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie		0.0000	undef 0.0000
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
50	Weisse Blutkoerperchen			
		0.0426		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			•
		0.0000		
40	Haematopoetisch			
40	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0072		
	Nebenniere			
45		0.0062		
	Placenta			
	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0251		
50		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.1224		
	Eierstock_n			
<i>5.5</i>	Eierstock_t			
55	Endokrines_Gewebe			
	roetal Gastrointestinal	0.0058		
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60		0.0063		
50		0.0082		
		0.0120		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
65	Uterus n			
	-			

5		NORMAL %Haeufigkeit 0.0429	0.0077	Verhaeltniss N/T T/N 5.5933 0.1788
	Brust Duenndarm	0.0217	0.0432	0.5030 1.9881
	Eierstock		0.0000 0.0208	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe		0.0276	2.0147 0.4964 1.1115 0.8997
10	Gastrointestinal	0.0345	0.0370	0.9319 1.0731
		0.0192	0.0257	0.7488 1.3355
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0367	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0428	0.0129	3.3088 0.3022
13		0.0223	0. 01 37 0. 03 51	1.6190 0.6176
		0.0374	0.0348	0.4920 2.0326 1.0758 0.9295
	Magen-Speiseroehre		0.0077	2.5211 0.3967
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0540	0.5076 1.9699
20	Niere	0.0353	0.0068	5.1548 0.1940
	Pankreas		0.0166	1.2963 0.7714
		0.0509	0.0533	0.9547 1.0475
	Prostata		0.0277	0.9449 1.0583
25	Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium	0.0270	0.1055	0.2561 3.9053
	Uterus_allgemein		0.0136 0.0000	3.9279 0.2546
	Brust-Hyperplasie		0.0000	undef 0.0000
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase	0.0801		
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0213		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		•
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal	0.0472		
		0.0250		•
40	Haematopoetisch			
40	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0780		
		0.0108		
	Nebenniere			
45		0.0494		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0251		
50		NORMIERTE/SUB	TRAUTEDTE DT	DI TOTUEVEN
		%Haeufigkeit	INMITERIE DI	BLIOIHEREN
	Brust	0.0204		
	Eierstock_n			
<i></i>	Eierstock_t			
55	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60		0.0000		
		0.0164		
	Nerven			
	Prostata	0.0137		
	Sinnesorgane	0.0464		
65	Uterus_n	0.0458		•

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	Place		%Haeufigkeit	
J		0.4367	0.1227	3.5594 0.2809
	Duenndarm	0.0256	0.0320	0.8006 1.2490
	Eierstock		0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe		0.0260	2.1874 0.4572
10	Gastrointestinal	0.0005	0.0125	0.6792 1.4722
		0.0074	0.0139	8.2834 0.1207
	Haematopoetisch		0.0216	0.3428 2.9168
		0.0367	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15		0.0763	0.0518 0.0412	0.5515 1.8133
		0.0748	0.0117	1.8503 0.5404
		0.0416	0.0245	6.3957 0.1564
	Magen-Speiseroehre		0.0690	1.6934 0.5905 2.2409 0.4462
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0360	
20		0.0109	0.0137	0.6663 1.5009 0.7930 1.2610
	Pankreas		0.1657	0.0100 100.2850
		0.2605	0.0800	3.2571 0.3070
	Prostata		0.1256	0.9889 1.0112
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.3201	0.1087	2.9459 0.3394
	Uterus_allgemein	0.2292	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288		4.1461 0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0951		
	Samenblase			
30	Sinnesorgane	0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.1278		
25		FOETUS		
35	<u>.</u>	%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
40	Haematopoetisch			
40		0.0000		
	Hepatisch Herz-Blutgefaesse			
	Lunge			
	Nebenniere			
45	Niere			
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	· 9-···			
50		NORMIERTE/SUB	TRAHTERTE BIB	T TOTUEVEN
		%Haeufigkeit	TIGUITENTE DID.	PIOIUFKEN
	Brust			
	Eierstock n			
	Eierstock_t	0.0304		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0099		
	Gastrointestinal	0.0854		
	Haematopoetisch	0.0228		
	Haut-Muskel	0.0097		
60	. Hoden			
	Lunge			
	Nerven	0.0020		
	Prostata	0.0410		
	Sinnesorgane	0.0000		
65	. Uterus_n	0.1582		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0117	0.0179	0.6538 1.5296
		0.0102	0.0075	1.3611 0.7347
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0182	0.4934 2.0268
	Endokrines_Gewebe		0.0125	0.6792 1.4722
10	Gastrointestinal		0.0093	0.4142 2.4145
	Gehirn		0.0154	
	Haematopoetisch		0.0000	0.4800 2.0835
		0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	undef 0.0000
15		0.0042	0.0000	0.7353 1.3600
		0.0230	0.0000	undef 0.0000
		0.0010	0.0061	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre			0.1693 5.9051
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0027	0.0060	1.1422 0.8755
	Pankreas		0.0068	0.3965 2.5219
		0.0060	0.0166	0.1994 5.0142
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
	Uterus Endometrium		0.0021	3.0709 0.3256
25	Uterus_Myometrium		0.0528	0.0000 undef
23	Uterus allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie		0.0000	undef 0.0000
	Prostata-Hyperplasie			,
30	Samenblase			
50	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		
		CORMUS		•
35		FOETUS		
٠, ,	Entered als large	%Haeufigkeit		
	Entwicklung Gastrointenstinal			
	Gehirn			
40	Haematopoetisch			
40		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	_	0.0036		
45	Nebenniere			
43		0.0124		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
50		NORMTERME / crrs	MD VII TEDWE - 2	
50		NORMIERTE/SUB	TRAHIERTE BIB	LIOTHEKEN
	Bruch	%Haeufigkeit 0.0272		
	Eierstock n			
55	Eierstock_t			
,,	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
60	Haut-Muskel			
60	Hoden		•	
	Lunge			
	Nerven			
	Prostata			
45	Sinnesorgane			
65	Uterus_n	0.0000		•

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                            Verhaeltnisse
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                 T/N
 5
                          Blase 0.0507
                                              0.0613
                                                            0.8263 1.2102
                          Brust 0.0294
                                              0.0395
                                                            0.7453 1.3417
                      Duenndarm 0.0245
                                              0.0331
                                                            0.7415 1.3487
                      Eierstock 0.0479
                                              0.0468
                                                            1.0233 0.9772
             Endokrines Gewebe 0.0477
                                              0.0301
                                                            1.5849 0.6309
10
              Gastrointestinal 0.0268
                                              0.0740
                                                            0.3624 2.7594
                         Gehirn 0.0281
                                              0.0534
                                                            0.5261 1.9007
               Haematopoetisch 0.0227
                                              0.0379
                                                            0.5999 1.6669
                           Haut 0.0184
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
                      Hepatisch 0.0238
                                              0.0323
                                                            0.7353 1.3600
15
                           Herz 0.0435
                                              0.0275
                                                            1.5805 0.6327
                          Hoden 0.0230
                                              0.1637
                                                            0.1406 7.1142
                          Lunge 0.0623
                                              0.0716
                                                            0.8709 1.1482
            Magen-Speiseroehre 0.0290
                                              0.0767
                                                            0.3782 2.6444
                Muskel-Skelett 0.0120
                                              0.0360
                                                            0.3331 3.0017
20
                          Niere 0.0407
                                              0.0137
                                                            2.9739 0.3363
                       Pankreas 0.0215
                                              0.0884
                                                            0.2431 4.1143
                          Penis 0.0359
                                              0.0800
                                                            0.4493 2.2259
                       Prostata 0.0174
                                              0.0170
                                                            1.0236 0.9769
            Uterus_Endometrium 0.0608
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
25
             Uterus Myometrium 0.0915
                                              0.0340
                                                            2.6934 0.3713
              Uterus allgemein 0.0306
                                              0.6679
                                                            0.0457 21.8583
             Brust-Hyperplasie 0.0128
          Prostata-Hyperplasie 0.0268
                     Samenblase 0.1513
30
                   Sinnesorgane 0.1176
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0121
                         Zervix 0.0213
                                FOETUS
35
                                %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0278
             Gastrointenstinal 0.0528
                         Gehirn 0.0188
               Haematopoetisch 0.0315
40
                           Haut 0.2513
                     Hepatisch 0.0260
             Herz-Blutgefaesse 0.0462
                          Lunge 0.0542
                    Nebenniere 0.0254
45
                         Niere 0.0927
                       Placenta 0.0242
                       Prostata 0.0499
                  Sinnesorgane 0.0000
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                         Brust 0.0272
                   Eierstock_n 0.0000
                   Eierstock_t 0.0608
55
             Endokrines Gewebe 0.0490
                         Foetal 0.0163
              Gastrointestinal 0.0122
               Haematopoetisch 0.0114
                   Haut-Muskel 0.0292
60
                         Hoden 0.0077
                         Lunge 0.0410
                        Nerven 0.0070
                      Prostata 0.0410
                  Sinnesorgane 0.0000
65
                      Uterus n 0.0083
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0117	0.0256	0.4576 2.1852
,		0.0205	0.0132	1.5555 0.6429
	Duenndarm		0.0000	
	Eierstock		0.0026	undef 0.0000 1.1513 0.8686
	Endokrines Gewebe		0.0100	
10	Gastrointestinal			0.5094 1.9630
10	Gastionntestinal		0.0046	3.3134 0.3018
	Haematopoetisch		0.0154	0.4800 2.0835
		0.0551	0.0379	0.6352 1.5743
			0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676 2.7200
13			0.0825	0.2955 3.3836
		0.0115	0.0000	undef 0.0000
		0.0478	0.0307	1.5580 0.6419
	Magen-Speiseroehre		0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett		0.0120	10.2798 0.0973
20		0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas		0.0497	0.1330 7.5214
		0.0210	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0064	3.4121 0.2931
2.5	Uterus_Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0213		•
		FOETUS,		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal	0.0139		
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
40		0.0000		
	Hepatisch			•
	Herz-Blutgefaesse			•
	-	0.0000		•
	Nebenniere			
45		0.0000		
	Placenta		•	
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
				. •)
50		NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		•
		0.0272		
	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		•
	Foetal			•
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0162		
60	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0010		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
65	Uterus n			
				

5	Blase Brust	0.0975	TUMOR %Haeufigkeit 0.0256 0.0263	Verhaeltnisse N/T T/N 3.8136 0.2622 0.3403 2.9389
10	Duenndarm Eierstock Endokrines_Gewebe Gastrointestinal	0.0060 0.0000	0.0000 0.0000 0.0025 0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000
	Gehirn Haematopoetisch	0.0000 0.0080 0.0257	0.0062 0.0000 0.0000 0.0065	0.0000 undef undef 0.0000 undef 0.0000
15	Herz Hoden Lunge	0.0032 0.0058 0.0291	0.0000 0.0000 0.0164	0.7353 1.3600 undef 0.0000 undef 0.0000 1.7781 0.5624
20	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett Niere Pankreas	0.0051 0.0000	0.0153 0.0060 0.0000 0.0000	5.0421 0.1983 0.8567 1.1673 undef undef undef 0.0000
25	Penis Prostata Uterus_Endometrium Uterus Myometrium	0.0135	0.0000 0.0064 0.0000 0.0000	undef 0.0000 2.3885 0.4187 undef 0.0000 undef 0.0000
23	Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie	0.0204 0.0000 0.0297	0.0000	undef 0.0000
30	Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix	0.0470 0.0000		
35	Entwicklung	FOETUS %Haeufigkeit 0.0000		
40	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch Haut	0.0000		
	Hepatisch Herz-Blutgefaesse Lunge	0.0000 0.0000 0.0036		
45	Placenta Prostata	0.0000 0.0061 0.0000		
50	Sinnesorgane		BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	Eierstock_n Eierstock_t	0.0136 0.0000 0.0051		
55	Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch	0.0017 0.0122		
60	Lunge	0.0000 0.0000 0.0082 0.0010		
65	Prostata Sinnesorgane Uterus_n	0.0068 0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
		0.0026	0.0000	undef 0.0000
,	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef
	Endokrines, Gewebe		0.0025	0.0000 undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
		0.0015	0.0021	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	-	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0055	0.5983 1.6714
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0021	0.0000 undef
	Uterus Endometrium			undef 0.0000
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef 0.0000
22	Uterus allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie		0.0000	under under
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
50	Weisse Blutkoerperchen			
		0.0000		
	Servin	0.0000		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
55	Entwicklung	_		
	Gastrointenstinal			
		0.0000		
	Haematopoetisch			
40		0.0000		
••	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			¥.
	-	0.0000		
	Nebenniere			
45		0.0000		
13	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Jimesorgane	5.0000		
50 :		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,
	Brust	0.0000		
	Eierstock n			
	Eierstock t			• & *
55	Endokrines Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60		0.0000		
		0.0164		
	Nerven			•
	Prostata			
	Sinnesorgane			
65	Uterus n			
	000549711			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170 0.9833
		0.0051	0.0038	1.3611 0.7347
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000 undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000
		0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0011	0.0137	0.0771 12.9706
		0.0173	0.0000	undef 0.0000
		0.0052	0.0020	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
30	Muskel-Skelett		0.0060	0.8567 1.1673
20		0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata Uterus Endometrium		0.0085 0.0000	0.5118 1.9538
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef undef undef 0.0000
23	Uterus allgemein		0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie		0.0000	under 0.0000
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
	Zervix			
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
40	Haematopoetisch		•	4
40		0.0000		
	Hepatisch Herz-Blutgefaesse		. 0	
	_	0.0072		
	Nebenniere			
45		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	-			
50		NORMIERTE/SUB	STRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0204		
	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
55	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
60	Haut-Muskel			
JU		0.0000	•	
		0.0000		
	Nerven Prostata			
	Sinnesorgane			
65	Uterus n			
33	ocerus_n	0.0200		

5	•	NORMAL %Haeufigkeit 0.0546	0.1074	Verhaeltnisse N/T T/N 0.50851.9666
	Brust Duenndarm Eierstock		0.0470 0.0331 0.0650	1.1977 0.8349 4.1708 0.2398 0.8289 1.2064
10	Endokrines_Gewebe Gastrointestinal Gehirn	0.1322	0.0351 0.1758 0.0452	0.6792 1.4722 0.7520 1.3297 0.5072 1.9714
	Haematopoetisch Haut Hepatisch	0.1652	0.0000 0.0000 0.0518	undef 0.0000 undef 0.0000 0.55151.8133
15	Hoden	0.1166 0.0115 0.1049	0.1649 0.0117 0.1329	0.7067 1.4150 0.9839 1.0163 0.7894 1.2668
20	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett	0.1353	0.0613 0.0240 0.0753	2.2059 0.4533 2.8555 0.3502 0.7570 1.3210
20	Pankreas	0.0165 0.0749	0.1491 0.0267 0.0234	0.1108 9.0256 2.8079 0.3561 2.6056 0.3838
25	Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus allgemein	0.0338 0.0991	0.0000 0.0340 0.1908	undef 0.0000 2.9179 0.3427 0.2669 3.7471
	Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase	0.0064 0.0386		
30	Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix	0.0616		
35		FOETUS %Haeufigkeit		. *
•	Entwicklung Gastrointenstinal Gehirn	0.0194 0.0000	•	
40	Haematopoetisch Haut Hepatisch Herz-Blutgefaesse	0.0000 0.0000		
45	Lunge Nebenniere	0.0181		
	Placenta Prostata Sinnesorgane	0.0364 0.0499		
50	j	NORMIERTE/SUI %Haeufigkeit		BLIOTHEKEN
	Brust Eierstock_n Eierstock t	0.0068		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000 0.0058		
60		0.0259 0.0309		
•	Nerven Prostata			•
65	Sinnesorgane Uterus_n			

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
   5
                            Blase 0.0663
                                                0.0792
                                                              0.8365 1.1954
                            Brust 0.0780
                                                0.1259
                                                              0.6196 1.6140
                        Duenndarm 0.0675
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                        Eierstock 0.0449
                                                0.0260
                                                             1.7269 0.5791
                Endokrines_Gewebe 0.0664
                                                0.0853
                                                             0.7791 1.2835
  10
                 Gastrointestinal 0.0805
                                                0.0370
                                                             2.1744 0.4599
                           Gehirn 0.0407
                                                0.0924
                                                             0.4400 2.2729
                  Haematopoetisch 0.0495
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
                             Haut 0.0734
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
                        Hepatisch 0.0238
                                                0.1165
                                                             0.2042 4.8960
  15
                             Herz 0.0445
                                                0.0687
                                                             0.6476 1.5441
                            Hoden 0.0403
                                                0.0585
                                                             0.6888 1.4519
                            Lunge 0.1184
                                                0.1329
                                                             0.8910 1.1223
              Magen-Speiseroehre 0.0580
                                                0.0997
                                                             0.5818 1.7188
                  Muskel-Skelett 0.0634
                                                             0.9605 1.0411
                                                0.0660
 20
                           Niere 0.0679
                                                0.2396
                                                             0.2832 3.5307
                         Pankreas 0.0182
                                                0.0939
                                                             0.1936 5.1662
                           Penis 0.0180
                                                0.1333
                                                             0.1348 7.4196
                        Prostata 0.0501
                                               0.0681
                                                             0.7357 1.3592
              Uterus_Endometrium 0.0135
                                               0.0000
 25
                                                             undef 0.0000
               Uterus_Myometrium 0.0610
                                               0.0068
                                                             8.9781 0.1114
               Uterus_allgemein 0.0255
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
               Brust-Hyperplasie 0.0224
            Prostata-Hyperplasie 0.0327
                      Samenblase 0.0979
 30
                    Sinnesorgane 0.0706
         Weisse_Blutkoerperchen 0.1665
                          Zervix 0.0106
                                  FOETUS
35
                                 %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0250
                          Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0079
40
                           Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0520
              Herz-Blutgefaesse 0.0107
                           Lunge 0.0253
                     Nebenniere 0.0254
45
                          Niere 0.0247
                       Placenta 0.0121
                       Prostata 0.0249
                   Sinnesorgane 0.0000
50
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                          Brust 0.0476
                    Eierstock_n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0608
55
              Endokrines_Gewebe 0.0490
                         Foetal 0.0204
               Gastrointestinal 0.0366
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0097
60
                          Hoden 0.0000
                          Lunge 0.1392
                         Nerven 0.0171
                       Prostata 0.0274
                   Sinnesorgane 0.0619
65
                       Uterus_n 0.0250
```

NORMAL TUMOR	Verhaeltnisse
%Haeufigkeit %Haeufigke 5 Blase 0.0156 0.0409	
0.0409	0.3814 2.6222
	0.6465 1.5468
Duenndarm 0.0123 0.0165 Eierstock 0.0210 0.0286	0.7415 1.3487
Endokrines_Gewebe 0.0273 0.0376	0.7326 1.3650 0.7245 1.3802
10 Gastrointestinal 0.0326 0.0370	0.8801 1.1362
Gehirn 0.0207 0.0534	0.3877 2.5795
Haematopoetisch 0.0267 0.0000	undef 0.0000
Haut 0.0220 0.0000	undef 0.0000
Hepatisch 0.0095 0.0970	0.0980 10.199
15 Herz 0.0551 0.0275	2.0045 0.4989
Hoden 0.0115 0.0351	0.3280 3.0489
Lunge 0.0436 0.0552	0.7903 1.2654
Magen-Speiseroehre 0.0483 0.0077	6.3027 0.1587
Muskel-Skelett 0.0257 0.0660	0.3894 2.5681
Niere 0.0136 0.0342	0.3965 2.5219
Pankreas 0.0099 0.0276	0.3590 2.7857
Penis 0.0210 0.0267	0.7862 1.2719
Prostata 0.0327 0.0319	1.0236 0.9769
Uterus Endometrium 0.0405 0.0000 25 Uterus Myometrium 0.0534 0.0136	undef 0.0000
0.0130	3.9279 0.2546
Uterus_allgemein 0.0051 0.1908 Brust-Hyperplasie 0.0288	0.0267 37.471
Prostata-Hyperplasie 0.0288	
Samenblase 0.1068	
30 Sinnesorgane 0.0118	
Weisse_Blutkoerperchen 0.0486	
Zervix 0.0106	
FOETUS	
35 %Haeufigkeit	
Entwicklung 0.0417	
Gastrointenstinal 0.0333	
Gehirn 0.0188 Haematopoetisch 0.0393	
40 Haut 0.0000	
Hepatisch 0.0260	
Herz-Blutgefaesse 0.0107	
Lunge 0.0253	
Nebenniere 0.0000	
45 Niere 0.0062	
Placenta 0.0364	
Prostata 0.0499	
Sinnesorgane 0.0000	
50	
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit Brust 0.0340	
Eierstock n 0.0000	
Eierstock_t 0.0658	
55 Endokrines_Gewebe 0.0000	
Foetal 0.0204	
Gastrointestinal 0.0122	
Haematopoetisch 0.0114	
Haut-Muskel 0.0454	
60 Hoden 0.0000	•
Lunge 0.0164	
Nerven 0.0060	
Prostata 0.0068	
Sinnesorgane 0.0155	
65 Uterus_n 0.0042	•

5		0.0507 0.0895 0.0583 0.1587 0.0579 0.0747 0.0377	TUMOR %Haeufigkeit 0.0716 0.0827 0.0331 0.1509 0.0677 0.1619 0.0791	0.7082 1.4119 1.0827 0.9237 1.7610 0.5679 1.0520 0.9506 0.8553 1.1691 0.4615 2.1668 0.4769 2.0971
15	Haut Hepatisch Herz Hoden Lunge Magen-Speiseroehre	0.0477 0.0190 0.0689 0.0288 0.0499 0.0193	0.0758 0.4237 0.0841 0.0550 0.2105 0.1063 0.0383	1.0057 0.9943 0.1126 8.8784 0.2262 4.4200 1.2528 0.7982 0.1367 7.3174 0.4690 2.1324 0.5042 1.9833
20	Pankreas	0.0652	0.0960 0.1164 0.0718 0.0000	0.3569 2.8016 0.5598 1.7864 0.6443 1.5520 undef 0.0000
25	Prostata Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemein	0.0743 0.0686 0.1273	0.0958 0.1055 0.1290 0.3817	0.9326 1.0722 0.7042 1.4201 0.5316 1.8811 0.3336 2.9977
30	Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie Samenblase Sinnesorgane Weisse_Blutkoerperchen Zervix	0.1338 0.1691 0.0353 0.0451		
35	Entwicklung	FOETUS %Haeufigkeit 0.0835		
40	Gastrointenstinal Gehirn Haematopoetisch	0.1000 0.1001 0.0433 0.0000		
45	Herz-Blutgefaesse Lunge Nebenniere	0.0569 0.0903		
	Placenta Prostata Sinnesorgane	0.1247		
50	Eierstock n	%Haeufigkeit 0.0068 0.3190	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
55	Eierstock_t Endokrines_Gewebe Foetal Gastrointestinal Haematopoetisch	0.0490 0.0099 0.0000		
60	Lunge Nerven	0.0000 0.0164 0.0100		
65	Prostata Sinnesorgane Uterus_n	0.0000		

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                    T/N
  5
                           Blase 0.1638
                                                0.0486
                                                              3.3720 0.2966
                           Brust 0.2149
                                                0.1015
                                                              2.1172 0.4723
                       Duenndarm 0.0705
                                                0.0331
                                                              2.1317 0.4691
                       Eierstock 0.2306
                                                0.0416
                                                              5.5404 0.1805
               Endokrines_Gewebe 0.0801
                                                0.0251
                                                              3.1925 0.3132
 10.
                Gastrointestinal 0.0881
                                                0.1110
                                                              0.7938 1.2597
                          Gehirn 0.0606
                                               0.0472
                                                              1.2834 0.7792
                Haematopoetisch 0.0094
                                                              0.2470 4.0483
                                               0.0379
                            Haut 0.2166
                                               0.0847
                                                              2.5559 0.3913
                       Hepatisch 0.0666
                                               0.0259
                                                              2.5735 0.3886
 15
                           Herz 0.1293
                                               0.0000
                                                              undef 0.0000
                           Hoden 0.0920
                                               0.0468
                                                              1.9679 0,5082
                           Lunge 0.1226
                                               0.0593
                                                             2.0672 0.4838
             Magen-Speiseroehre 0.0483
                                               0.0920
                                                             0.5252 1.9040
                 Muskel-Skelett 0.2073
                                               0.2700
                                                             0.7678 1.3024
 20
                          Niere 0.1032
                                               0.0068
                                                             15.0677
                                                                           0.0664
                        Pankreas 0.0281
                                               0.0663
                                                             0.4238 2.3596
                           Penis 0.1377
                                               0.0267
                                                             5.1665 0.1936
                        Prostata 0.0479
                                               0.0277
                                                             1.7323 0.5773
             Uterus_Endometrium 0.0878
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
25
              Uterus Myometrium 0.1906
                                               0.1494
                                                             1.2753 0.7841
               Uterus_allgemein 0.3310
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
              Brust-Hyperplasie 0.2782
           Prostata-Hyperplasie 0.0981
                     Samenblase 0.0356
30
                   Sinnesorgane 0.0353
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0009
                         Zervix 0.1491
                                 FOETUS
35
                                 %Haeufigkeit
             Entwicklung 0.2783
Gastrointenstinal 0.0833
                         Gehirn 0.0250
                Haematopoetisch 0.0275
40
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0889
                         Lunge 0.1012
                     Nebenniere 0.1268
45
                          Niere 0.0432
                       Placenta 0.2969
                       Prostata 0.1496
                   Sinnesorgane 0.0502
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                          Brust 0.0544
                   Eierstock_n 0.7974
                   Eierstock_t 0.0101
55
             Endokrines_Gewebe 0.0490
                        Foetal 0.0641
              Gastrointestinal 0.0122
               Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0292
60
                         Hoden 0.0154
                          Lunge 0.0082
                        Nerven 0.0191
                      Prostata 0.0137
                  Sinnesorgane 0.0000
65
                      Uterus n 0.0125
```

5		0.2613	TUMOR %Haeufigkeit 0.2147	1.2167 0.8219
	Brust Duenndarm Eierstock		0.1767 0.2150	1.1801 0.8474 0.6274 1.5939
	Endokrines Gewebe		0.1405 0.1204	1.1299 0.8850 1.7830 0.5608
10	Gastrointestinal		0.1573	1.3278 0.7531
	Gehirn		0.1776	1.1112 0.9000
	. Haematopoetisch	0.1003	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000 0.7878 1.2693
15	Herz	0.2173	0.3574	0.6079 1.6450
		0.0805	0.1169	0.6888 1.4519
	Lunge Magen-Speiseroehre	0.1195	0.2433	0.4910 2.0368
	Muskel-Skelett	0.1643	0.1150 0.2400	1.4286 0.7000
20		0.1385	0.2396	0.5925 1.6877 0.5778 1.7307
	Pankreas	0.1487	0.1767	0.8414 1.1886
		0.1347	0.0267	5.0542 0.1979
	Prostata		0.2385	0.7677 1.3026
25	Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium		0.0000 0.1630	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.2037	0.0000	1.3093 0.7638 undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.2430		
	Prostata-Hyperplasie	0.1486		
30	Samenblase Sinnesorgane			
50	Weisse Blutkoerperchen			
	Zervix			
35		FOETUS		
33	Entwicklung	%Haeufigkeit		
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
40	Haematopoetisch			
40		0.0000		
	Hepatisch Herz-Blutgefaesse			
		0.1806		
	Nebenniere			
45		0.1915		
	Placenta Prostata			
	Sinnesorgane			
	·			
50		NORMIERTE/SUB	TRAHIERTE BIB	LIOTHEKEN
	P	%Haeufigkeit		
	Eierstock n	0.0000		
	Eierstock t			
55	Endokrines Gewebe			
	Foetal	0.0128		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
60	Haut-Muskel Hoden	0.0130		
-	Lunge			
	Nerven			
	Prostata	0.3146		
45	Sinnesorgane	· ·		
65	Uterus_n	υ.0375		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.1131	0.1534	0.7373 1.3563
		0.1215	0.1165	1.0427 0.9590
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.1405	2.0893 0.4786
	Endokrines_Gewebe		0.0928	0.8628 1.1590
10	Gastrointestinal		0.1897	0.7273 1.3749.
	Gehirn		0.1540	0.3216 3.1096
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0991	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch		0.2006	0.1660 6.0228
13		0.1304 0.0805	0.1237	1.0537 0.9491
		0.0800	0.1520 0.1615	0.5298 1.8874
	Magen-Speiseroehre		0.1303	0.4952 2.0195 0.7415 1.3486
	Muskel-Skelett		0.0540	1.2057 0.8294
20		0.0462	0.1643	0.2809 3.5604
20	Pankreas		0.1325	0.6731 1.4857
		0.1497	0.0800	1.8719 0.5342
	Prostata		0.1022	1.2582 0.7948
	Uterus Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus Myometrium		0.1698	0.9876 1.0126
	Uterus allgemein		0.0954	1.2810 0.7807
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase	0.3738		
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0852		
2.5		FOETUS		
35	7	%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn Haematopoetisch			
40	-	0.0000		
40	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.2348		
	Nebenniere			
45		0.1668		
	Placenta			- *
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		•
	-			
50		NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
	Eierstock_n			
~ ~	Eierstock_t			*
55	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			
	Gastrointestinal			•
	Haematopoetisch			
60	Haut-Muskel			
60		0.0154		
		0.0328		
		0.0100		
	Prostata			
65	Sinnesorgane Uterus n			
33	oreinz"!	0.0012		

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
,		0.0195	0.0070	2.7658 0.3616
		0.0132	0.0084	1.5655 0.6388
	Dickdarm		0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm Eierstock		0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines Gewebe		0.0024 0.0053	0.0000 undef
	Gehirn		0.0033	0.0000 undef
		0.0073	0.0000	1.1605 0.8617 undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0304	0.0000	undef 0.0000
		0.0080	0.0000	undef 0.0000
		0.0068	0.0018	3.6835 0.2715
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833 0.3593
20	Pankreas		0.0000	undef undef
	Prostata		0.0276 0.0078	0.0000 undef
	T Lymphom		0.0000	1.6882 0.5923 undef 0.0000
	Uterus		0.0046	4.8192 0.2075
25	Weisse_Blutkoerperchen		0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0027		
		0.0295		
	Samenblase			
30	Sinnesorgane	0.0000		
50		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
35	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch			
		0.0000		i
	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40	Nebenniere	0.0072		
		0.0062		
	Placenta			
	Prostata			
45	Sinnesorgane	0.0000		
		NODMIDDED / COM		
	·	NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit	TRAHIERTE BIB	LIOTHEKEN
	Brust	0.0068		
50	Brust t			
•	Dickdarm t			
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t			
5.5	Endokrines_Gewebe			
55	Foetal			
	Gastrointestinal			•
	Haematopoetisch Haut-Muskel			
	Hoden n			
60	Hoden t			
	Lunge n			
	Lunge_t			
	Nerven	0.0010		
	Niere_t			
65	Ovar_Uterus			
	Prostata_n			
	Sinnesorgane		•	
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		,

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
-			%Haeufigkeit	
5	B_Lymphom		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Dickdarm		0.0028	2.6911 0.3716
10	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock		0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch		0.0000	undef undef
13		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0040 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	-		0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0022	0.0000	undef undef
20	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0000	undef undef
	T Lymphom		0.0026 0.0000	1.8088 0.5529
	T_Dymphom Uterus		0.0000	undef undef
25	Weisse Blutkoerperchen		0.0000	undef 0.0000
-3	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0054		
	Samenblase			
	Sinnesorgane	- · · - · -		
30	oimesorgane	0.0000		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
35	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	-	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		•
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		•
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
45	Sinnesorgane	0.0000		
	•		BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	•	%Haeufigkeit		
50		0.0000		
50	Brust_t			. 2
-	Dickdarm_t			
	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
55	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60	Hoden_n			
ou	Hoden_t			
	Lunge_n			
	Lunge_t			
	Nerven			
65	Niere_t			
65	Ovar_Uterus			
	Prostata_n			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                 T/N
 5
                      B Lymphom 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
                          Blase 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
                          Brust 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
                      Dickdarm 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
                      Duenndarm 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
10
                      Eierstock 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef
                                                                 undef
                         Gehirn 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
                          Haut 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
                     Hepatisch 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef
                                                                 undef
15
                          Herz 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef
                                                                 undef
                          Hoden 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
                          Lunge 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
            Magen-Speiseroehre 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
                Muskel-Skelett 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef
                                                                 undef
20
                          Niere 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
                      Pankreas 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
                      Prostata 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef
                                                                 undef
                                                           undef undef
                     T_Lymphom 0.0000
                                             0.0000
                        Uterus 0.0062
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
25
        Weisse Blutkoerperchen 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
               Haematopoetisch 0.0000
                          Penis 0.0000
                    Samenblase 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0000
30
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0000
35
                        Gehirn 0.0000
               Haematopoetisch 0.0000
                          Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                         Lunge 0.0000
                    Nebenniere 0.0000
                         Niere 0.0000
                      Placenta 0.0000
                      Prostata 0.0000
45
                  Sinnesorgane 0.0000
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                         Brust 0.0000
50
                       Brust_t 0.0000
                    Dickdarm t 0.0000
                   Eierstock n 0.0000
                   Eierstock_t 0.0000
             Endokrines_Gewebe 0.0000
55
                        Foetal 0.0000
              Gastrointestinal 0.0000
               Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0000
                       Hoden_n 0.0000
60
                       Hoden t 0.0000
                       Lunge_n 0.0000
                       Lunge_t 0.0000
                        Nerven 0.0000
                       Niere t 0.0000
65
                   Ovar_Uterus 0.0000
                    Prostata n 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0000
        Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

5	D. Jamesha		TUMOR %Haeufigkeit	
3	B_Lymphom	0.0025	0.0000 0.0000	undef 0.0000 undef undef
		0.0026	0.0000	under under
	Dickdarm		0.0028	0.0000 undef
	Duenndarm		0.0000	undef undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0019	5.9354 0.1685
		0.0048	0.0010	4.8361 0.2068
		0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch		0.0000	undef undef
13		0.0030 0.0000	0.0000 0.0000	undef 0.0000
		0.0058	0.0000	undef undef undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0064	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom		0.0000	undef 0.0000
2.5		0.0108	0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch			
	Penis Samenblase	0.0054		
	Sinnesorgane	· · · · · ·		
30	Simesorgane	0.0000		
30		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal	0.0000		
35	Gehirn	0.0063		. *
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40	-	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		_
	Placenta			
	Prostata			
45	Sinnesorgane			
		3.3333		
		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
50	Brust_t			•
	_Dickdarm_t		•	-
	Eierstock_n			
	Eierstock_t		•	
55	Endokrines_Gewebe			
دد	Foetal Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
	Hoden n			
60	Hoden t			
-	Lunge n			
	Lunge t			
	Nerven			
	Niere_t			
65	Ovar_Uterus			
	Prostata_n			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
   5
                                                                    T/N
                        B_Lymphom 0.0000
                                                0.0000
                                                              undef undef
                            Blase 0.0078
                                                0.0117
                                                              0.6638 1.5065
                            Brust 0.0123
                                                0.0126
                                                             0.9741 1.0266
                         Dickdarm 0.0115
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
                        Duenndarm 0.0055
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
  10
                        Eierstock 0.0089
                                                0.0048
                                                             1.8665 0.5358
                Endokrines Gewebe 0.0000
                                                0.0000
                                                             undef undef
                           Gehirn 0.0052
                                                0.0100
                                                             0.5222 1.9149
                             Haut 0.0073
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
undef undef
                        Hepatisch 0.0000
                                                0.0000
  15
                            Herz 0.0030
                                                0.0137
                                                             0.2215 4.5144
                            Hoden 0.0000
                                                0.0000
                                                             undef undef
                            Lunge 0.0039
                                                0.0092
                                                             0.4210 2.3755
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                0.0000
                                                             undef undef
                  Muskel-Skelett 0.0514
                                                0.0037
                                                             13.9166
  20
                                                                          0.0719
                            Niere 0.0022
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
                        Pankreas 0.0017
                                                0.0110
                                                             0.1496 6.6855
                        Prostata 0.0028
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                       T_Lymphom 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                          Uterus 0.0163
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
 25
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                 Haematopoetisch 0.0000
                           Penis 0.0107
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
 30
                                  FOETUS
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0000
 35
                          Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0036
 40
                          Lunge 0.0072
                     Nebenniere 0.0000
                          Niere 0.0000
                       Placenta 0.0182
                       Prostata 0.0000
45
                   Sinnesorgane 0.0000
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                          Brust 0.0068
50
                        Brust_t 0.0000
                     Dickdarm_t 0.0000
                    Eierstock n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0000
             Endokrines_Gewebe 0.0000
55
                         Foetal 0.0023
              Gastrointestinal 0.0000
               Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0000
                        Hoden_n 0.0000
60
                        Hoden_t 0.0000
                        Lunge_n 0.0293
                        Lunge_t 0.0000
                        Nerven 0.0090
                       Niere t 0.0000
65
                   Ovar_Uterus 0.0000
                    Prostata n 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0000
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	•	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	B_Lymphom		0.0272	2.1155 0.4727
		0.0585	0.0329	1.7780 0.5624
		0.0466	0.0141	3.3189 0.3013
	Dickdarm	0.0153	0.0285	0.5382 1.8579
	Duenndarm	0.0357	0.0107	3.3495 0.2986
10	Eierstock	0.0623	0.0310	2.0101 0.4975
	Endokrines_Gewebe	0.0482	0.0284	1.6975 0.5891
	Gehirn	0.0139	0.0259	0.5356 1.8670
	. Haut	0.0367	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0444	0.1046 9.5570
15	Herz	0.0183	0.0550	0.3323 3.0096
	Hoden	0.0161	0.0059	2.7142 0.3684
	Lunge	0.0117	0.0203	0.5741 1.7420
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0320	0.9068 1.1027
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0222	0.6958 1.4371
20	Niere	0.0112	0.0048	2.3212 0.4308
	Pankreas	0.0198	0.0552	0.3590 2.7856
	Prostata	0.0311	0.0260	1.1938 0.8377
	T Lymphom	0.0556	0.0448	1.2398 0.8066
		0.0473	0.0046	10.281 0.0973
25	Weisse Blutkoerperchen		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	under 0.0000
		0.0402		
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30		0.0000		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
35		0.0250		
	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0289		
-10	Nebenniere			
		0.0556		•
	Placenta			
	Prostata			
45	Sinnesorgane			
43	ormesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUE	STRAHTERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		SBIOINDINDIN
	Brust	0.0068		
50	Brust t			
	Dickdarm t			
	Eierstock n			Ÿ.
	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe			
55		0.0220		
J.J	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60	Hoden_n			
60	Hoden_t			
	Lunge_n			
	Lunge_t			
		0.0050		
	Niere_t			
65	Ovar_Uterus			
	Prostata_n			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
			-	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	D. V		%Haeufigkeit	N/T T/N
3	B_Lymphom		0.0000	undef 0.0000
		0.0624 0.0114	0.0188 0.0000	3.3190 0.3013
	Dickdarm		0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000
	Duenndarm		0.0426	undef 0.0000 0.7730 1.2937
10	Eierstock		0.0024	6.2217 0.1607
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0053	0.0000 undef
	Gehirn	0.0023	0.0040	0.5803 1.7234
		0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch		0.0063	3.6622 0.2731
13		0.0051 0.0040	0.0000	undef 0.0000
		0.0029	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0192	undef 0.0000 1.8892 0.5293
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0110	0.2992 3.3427
	Prostata		0.0195	2.1223 0.4712
	T_Lymphom		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus Weisse Blutkoerperchen		0.0184	2.9719 0.3365
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
	-	0.1260		
	Samenblase	0.0422		
20	Sinnesorgane	0.0000		
30				
		FOETUS		
	Entwicklung	%Haeufigkeit		
	Gastrointenstinal			
35	Gehirn			
	Haematopoetisch	0.0118		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40	Nebenniere	0.0000		
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata	0.0499		
45	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIEDER / CUD	MD3	
		NORMIERTE/SUB %Haeufigkeit	TRAHIERTE BIB	LIOTHEKEN
	Brust	0.0204		
50	Brust t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
55	Endokrines_Gewebe			
J.J	Foetal Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel		•	
	Hoden_n			
60	Hoden_t			
	Lunge_n			
	Lunge_t			
	Nerven			
65	Niere_t Ovar Uterus			
33	Prostata n			
	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
	-		•	

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15

5

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

20

25

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

- Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
- Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).

30

3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C; (i: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while Ci > Ci-1; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusnormalgewebe gefunden werden.

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusnormalgewebe gefunden werden.

10

15

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

20

Beispiel 4

25

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 30 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzellinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzellinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das 35 Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_ form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter 40 Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), (http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de) bestimmt.

Neben dem Kartieren von Genen auf dem menschlichen Cromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen

45

Datenbank RHdb (http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl).

Referenzen zu den Modulen:

Pfam: Protein families database of alignments and HMMs (pfam@sanger.ac.uk)
PROSITE: The PROSITE database, its status in 1999. Nucleic Acids Res. 27: 215-219 (http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html)

	T	Т	T	T	T	\top	T	\top	Т	T	T		T	T	T	T	T	Т		T	T	\top	T			Τ		\top	Ţ	_
nächster Marker	D17S800-D17S791	DESA70-DESA40	0.450-0.450				DXC1201, DXC1020	D19S224-D19S421	D19305 D19355	2000010	WI-6414			D1S305-D1S2635	D5S1838	DRS1836-4Tel	D9C287-D9C280	DXS366 and DXS87				D4S1580-D4S427							SHGC-9863	
Cytogenetische Lokalisation	17011.2-021.31	5032-033 1	005				Xn11 23-n21 1	19n13.2	1021 2.022	22a12.3-a13.1	14q22.3	-		13	5a32-a33 1	80	9033.3-034.11	X	•			4q28.1-q31.1	Xp21.3-p22.11						1041	
Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	1780	1637	619	422	1194	231	1776	1242	553	1246	1721		1074	194	218	746	2784	908		1534	807	3389	1919	280		451	1011	302	1931	1464
Module					"trvosin"								2x "EGF"				"fibrinogen C"	2			"vwc"			"G-beta"			"Anti proliferat"		"arf"	
Funktion	Chicken mRNA for leucine zipper protein	unbekannt	unbekannt	Brachydanio rerio growth-associated protein	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt	unbekannt	Human PAC clone DJ515N1 from 22q11.2-q22	Rattus norvegicus 71 kDa component of rsec6/8	secretory complex p71	unbekannt	unbekannt	unbekannt	S. pombe chromosome I cosmid c1B3	Human angiopoietin-1 Homolog	Human DNA sequence from cosmid V857G6, between	markers DXS366 and DXS87	S. cerevisiae chromosome XVI, left arm DNA; P2610	unbekannt	unbekannt	H.sapiens gene for spermidine/spermine N1- acetvitransferase	Human MHC protein homologous to chicken B	complex protein	Human 1-8U gene	Human BTG1	H.sapiens mRNA for HLA-E heavy chain	Human ADP-ribosylation factor 1	Human gas1
Expression im Uterus- Normalgewebe:	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht		erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht		erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht		erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht
Sequenz ID No.:	-	2	3	4	2	9	7	80	თ	10	=		12	13	14	15	16	- 17		18	13	50	27	22		23	24	25	56	27

WO 99	/54	33.	·							8	1									ŀ	·C.	I/L)E99/	UII
nächster Marker	D14s76	D8S1089	SHGC-8022					D7S658			D9S158		SHGC-11945	D3S3344										
Cytogenetische Lokalisation	14q23.3	8p21.3-p21.2	2q37.3					7a22.1-a31.31		20q13.2-q13.13	9034.13-034.3		5q31.1	3021 1-022 1			Xp11.23-p22.11	11015.3-015.5	1p32.1-p32.2				11q13.2-q13.4	1912
Länge der angemeldete n Sequenz in Basen	2103	975	3061	2592	884	493	913	1917	518	634	879	2015	732	691	579	896 .	1175	851	1049	1375	2443	2693	877	548
Module	"bZIP"	"Clusterin"	9x "KH-domain"	"COILS", "COLLAGEN_ REP"	"COILS"	"S19"	"Rhodanese", "DSPc"	"COILS"		2x "wap"	"lipocalin"	"EGF", 2x "F5_F8_type_C"	3x "zf-C2H2"	"ras"		"CK_II_beta"			"bZIP"		4x "Filamin"		"gluts"	
Funktion	Human cellular oncogene c-fos	Human apolipoprotein J	Human high density lipoprotein binding protein (HBP)	H.sapiens gene encoding ketohexokinase	Human 80K-H protein (kinase C substrate)	Human Insulinoma gene	H.sapiens CL 100 mRNA for protein tyrosine phosphatase	Human alternatively spliced CUTL1	Human apM2 mRNA for GS2374	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homolog	Human prostaglandin D synthase	Human breast epithelial antigen BA46	Human mRNA for early growth response protein 1 (hEGR1)	Human GTP-binding protein (rhoA)	Human triosephosphate isomerase mRNA	Human mRNA for phosvitin/casein kinase II beta subunit	Homo sapiens differentiation-dependent A4 protein	Human interferon-inducible protein 9-27	Human c-jun proto oncogene	Human mRNA for DNA binding protein TAXREB67	Human mRNA for actin-binding protein (filamin)	H.sapiens mRNA for supt5h	Human mRNA for anionic glutathione-S-transferase (GST-pi-1)	Human CAPL protein
Expression im Uterus- Normalgewebe:	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht
Sequen z ID No.:	28	53	8	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	20	51	52

VSDOCID: <WO___9954353A2_I_>

	_							_					_													
nächster Marker									D202003-D20227	D323032,D32331											WI-6414	+1+0-144	D92587-D9250D		D4S1580-D4S427	
Cytogenetische	Lokalisation							1454 E	3n21 31 n21 2	7.1.24 10:1.40					11p12-q13.1			17q11.2-q21.31			14022.3	0033 2 034 11	10402.0-404.1		4q28.1-q31.1	
Länge der	angemeldete	n Sequenz	III Daseil	1771	252	733	720	2124	928	}	707	100	1837		1346	251		1939	1194	560	3770	2541	2000	ncnz	3968	
Module			"diam'ut" VC	zv uypsiii			"S 100" "efhand"	"asp"	"GSHPx"		"Ribosomal 11"		DX "LKK"			2x "Ribosomal_	L13e"					"fibringgen C"	0 0000			
Funktion			asstand-stad	acoud in pion	lymphocyte-specific protein 1=47 kda actin binding	Human protein kinase C substrate 80K-H (PRKCSH)	Human calcyclin gene	Human cathensin D	DNA sequence coding for human glutathione	peroxidase	Human Csa-19	Himso chandrolitin/dermaten action action and a	maram somare b	core protein	Human heart mRNA for heat shock protein 90	H.sapiens BBC1		Verlängerung von Seq. ID. 1	Verlängerung von Seq. ID. 3	Verlängerung von Seq. ID. 6	Verlängerung von Seq. ID. 11	Verlängerung von Seg 16 16	OF OI POS dev parizonaliza	verialization of the local control of the local con	Verlängerung von Seq. ID. 20	
Expression im	-snian	Normalgewebe:	erhöht	44844	1100116	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht		erhöht	erhäht	5		erhöht	erhöht		erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	erhöht	11211	ernoni	
Sequen	٠ آ	. : 0 Z	53	2		55	26	22	28		29	9	3		61	29		121	122	123	124	125	126	127	/5/	

TABELLE II

	•
DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's Seq. ID. No.) 63
	64
	65
2	66
	67
3	68
3	69
	70
4	71
. • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	72
	73
5	74 75
3	75 76
	76
6	77 78
U	78 79
	80
7	81
	82
8	83
•	84
	85
9	86
	87
	88
10	89
	90
	91
11	92
	93
	94
12	95
	96
13	97

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen
	(ORF's) .Seq. ID No.
13	98
	99
14	100
	101
	102
15	103
	104
	105
16	106
	107
17	108
	109
18	110
	111
19	112
	113
	114
20	115
	116
	117
121	131
	132
400	133
122	134
	135
	136
123	137
	138
	139
124	140
	141
	142
125	143
	144
	145
126	146
	147

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen
	(ORF's) .Seq. ID No.
	148
127	149
	150
	151

10

15

30

40

45

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-62 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 63-117 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokol!

- (1) ALLGEMEINE INFORMATION:
 - (i) ANMELDER:
 - (A) NAME: metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH
 - (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
 - (C) STADT: Berlin
 - (E) LAND: Deutschland
 - (F) POST CODE (ZIP): D-14195
 - (G) TELEFON: (030)-8413 1673
 - (H) TELEFAX: (030)-8413 1674
- 20 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusnormalgewebe
 - (iii) Anzahl der Sequenzen: 144
- 25 (iv) COMPUTER READABLE FORM:
 - (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
 - (B) COMPUTER: IBM PC compatible
 - (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
 - (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
- 35 (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```
teeeccceg gggcaacece eccateggge ecceaaageg etggggttae ageettaage 60
     caccaagece eggeegacet tettetattt tteeattete ettteeaaag eeatggeeat 120
 5
     gcgctcctgt gtacaggtgc ataaacacat cagtgtgcca tccctcacat gcatgtcgtt 180
     coccaccet cetteccagg gettetettg getecagegt teetetggga ceetetgeag 240
     atacageetg tgetggaeee ecageeaggg tgagggetea ttetgetetg tetteeceae 300
     tgcctcagtt tcccccaaaa gctgctttca cgtccttcta gtagggggcc tcccatgggg 360
10
     gcaaggatcc cctttaggat tcaatctttc ctctttgggc agttttggct ttgagtcccc 420
     caqggatcag ggtgagaatg aagaagagct cagtgagcgg aatgacagca gctgggtggg 480
     tggtgtgggg agaggctgag gggaaggcag ctctaagact gggagtggag ttcctggagg 540
     tgtggggagg ggggcgtgtt ttcaatttag aaaaatctca gccagctcga gccgagagag 600
     aatgcgaaag aggaagttcg gaaggagcga ggaatggggt gggtggcagc gggggccgct 660
15
     cagttgctgt cgctcttgtc caccagcacg gcgtccgact cctcggtgat ctccagcage 720
     gegtgcaegt eggggetget eeeggeege aggtegeegg eeteeeeeg eteegeeae 780
     ctccaccate teggtggeet tgageaette cacetggeee tegeggatet tettgaegtg 840
     gaaggtgaag ggtggcacct tgtagaccgc ggtcttggag cgcgcgtaca ccacgtggtc 900
     gggcgtgaag gatttgcgca acttgtcccg cgacgtcttc agtttctcgc gccgctcggc 960
     gggcaccagg cgcgtgccca gcttgttcat gcgcttctcc agggtgtgcc gcgtcttctc1020
20
     caqqttttcc ttggtcttga ggcgcgtctt ctccaggttc tcgcgggtac gcaccttggt1080
     cttctccatc ttctccttgg agaaggcctt cttgaagtcg tccacgcgcc gcaggccctg1140
     cgcttgatac gctctgcgcg ggactcctca ataacctcct caacctccac cgcctcgtcc1200
     gacgaaaget ccagegeege tgegteetee tegggeeget egeeetegee cageteeteg1260
25
     coeffected etggcagege etecgactet tteagegatt tgetgatget cagtttggce1320
     ggcagcttca cttcatcctg gtagatcatg actttaaagt tgcggcgccg cagcagctcg1380
     gcctcgttga cctccagctt cttgatctgc cccgcctggc gctccaggct gccgcgcacg1440
     gtettéaegt tgaegetgae ettgegeace ttetecagea gettgeteae egtattgete1500
     gtggtggcgt gcgccttgcc cagcttgctc agctcgccct ggatgctctg cactgcgccc1560
30
     tecateteeg cetgeegete etecagetgt gettgagtea getggatetg gtetaeggee1620
     ccgatgattt tgtccaggag gctcagcacc agcacgccgt tcacctggtc cgacttgatc1680
     agetettetg ageeggeeee egaeggetee teegetgeet gageeceage ggaggaaget1740
     ccggggcctc ggcgatcggg gtacccgggc aagcggccgc
```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÂNGE: 1637 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 50 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```
ggggagggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
      getecetggg caccaagtee caggeaggag cagetgtttt ceatecette ecagacaage 120
 5
     tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
     atcccctctg gagggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
     ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
     gtgatttccc ttaggcccag gacttgggcc tccagctcat ctgttccttc tgggcccatt 360
     catggcaggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
     gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
10
     tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
     gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttccagt cttgaaatgc attccatgat 600
     attaggaagt cgggggtggg tggtggtggt gggctagttg ggtttgaatt taggggccga 660
     tgagcttggg tacgtgagca gggtgttaag ttagggtctg cctgtatttc tggtcccctt 720
15
     ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcccagt gtccatatcg tgcccagaaa 780
     agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgcctggt 840
     geocagtgae etgggggage etggetgeag geocteaetg gtteeetaaa eettggtgge 900
     tgtgattcag gtccccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
     gagtiggctg gtagagcctt ctagaggttc agaatattag cttcaggatc agctgggggt1020
     atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg1080
20
     tgagggacag tttgggtttg ggacttaccg gggtgatgtt agatctggaa cccccaagtg1140
     aggctggagg gagttaaggt cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttggaatgl200
     aaagagtgac cttagagggc tccttgggcc tcaggaatgc tcctgctgct gtgaagatga1260
     gaaggtgete ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagece ctacetgetg1320
25
     ctgggtccct tgtagcacag gagactgggg ctaagggccc ctcccaggga agggacaccal380
     tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat ttcccagagg1440
     actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttcccaag ccagcgcctg gctgttctct1500
     cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaacccac tagagattgc ctgtgtcctg1560
     cetetigeet ettgtagaat geagetetgg eecteaataa atgetteetg catteatetg1620
30
     caaaaaaaa aattttc
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 619 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

cggctcgagg tgcccctggg aacccccaga atcagagcct cccatgcccg tcggtgaccc 60

50

55

```
cccagagaag aggcggggc tgtacctcac agtccccag tgtcctctgg agaaaccagg120 gtcccctca gccaccctg ccccaggggg tggtgcagat gacccgtgt agctcggggc180 ttggtgcagc ccacggctt ggccctgggg tctgggggc ccgctggggt ggaggcccag240 gcagaaccct gcatggacc tgacttgggt cccgtcgtga gcagaaaggc ccggggagga300 tgacggcca ggccctggtt ctctgccag cgaagaggag tagctgccgg gcccacacgag360 cctccatccg ttctggttcg ggtttctccg agttttgcta ccagccgagg ctgtgcggc420 aactgggtca gcctcccgtc aggagagaag ccgcgtctgt gggacgaaga ccgggcaccc480 gccagagagg ggaaggtacc aggttgcgc ctttcaggcc ccgcgttgtt acaggacact540 cgctggggc cctgtgccc tgccggcgc aggttgcagc caccgcggcc caatgtcac600 ttcccagaag cgtcctgtg
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 422 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

30

35

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```
tcgtccaaaa catccggtat cccccaaagc cccagaccaa cctccgtcgc tttgcccctg 60 ggaacaccga ggcctcggac ttggtggaga tctacctctg gaagctggta aaagatgagg120 aaactgaggc tcagagaggt gaagtacctg gcccaaggcc acacagccag aatcttccac180 ttgactcaga tcaagaaagt caggaagcaa gacttccaga aagaggcaca gcacttccga240 ctgctcgctg gccccacga aggtcactgg aacgtcttcc tagcccagac cctggagctg300 aaggtcacgg ccagtccaga caaagtgacc aagacataac aaagacctaa cagttgcaga360 tatgagctgt ataattgttg ttattatata ttaataaata agaagttgca ttaccctcaa420 aa
```

- 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1194 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
- 50 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

```
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN
```

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```
15
      cggctcgagg tgcccctggg aacccccaga atcagagcct cccatgcccg tcggtgaccc
      cccagagaag aggcggggc tgtacctcac agtcccccag tgtcctctgg agaaaccagg 120
      gtccccctca gccacccctg ccccaggggg tggtgcagat gaccccgtgt agctcggggc 180
      ttggtgccgc ccacggcttt ggccctgggg tctgggggcc ccgctggggt ggaggcccag 240
      gcagaaccct gcatggaccc tgacttgggt cccgtcgtga gcagaaaggc ccggggagga 300
20
      tgacggccca ggccctggtt ctctgcccag cgaagaggag tagctgccgg gccccacgag 360
     cctccatccg ttctggttcg ggtttctccg agttttgcta ccagccgagg ctgtgcgggc 420
     aactgggtca gcctcccgtc aggagagaag ccgcgtctgt gggacgaaga ccgggcaccc 480
     gccagagagg ggaaggtacc aggttgcgtc ctttcaggcc ccgcgttgtt acaggacact 540
     cgctgggggc cctgtgccct tgccggcggc aggttgcagc caccgcggcc caatgtcacc 600
     ttcactcaca gtctgagttc ttgtccgcct gtcacgccct caccaccctc cccttccage 660
     caccaccett teegtteege tegggeette ecagaagegt eetgtgaete tgggagaggt 720
     gacacctcac taaggggccg accccatgga gtaacgcgcc cggccccgat gcgaatcagg 780
     cetecectae atetggggge gttggeegeg agatteceat tgacacettt gtttegtgtg 840
     cttttaaatt caggttaaat gttgcaataa tctgatgcag aagactcagc ttctcaaggg 900
30
     agagggaggg ggcggacgga ataaatagta acttatttaa gaaatgcact tggattcctg 960
     ccatcagica ggggcgggga agggagtacc atccgcagat gggtgcagca ggcacttggcl020
     cagcaggaca caggagacta gcagaaggaa gaggccgggg aggaagaagc cagccaggag1080
     ggggagcctg gggtacccag actctgagcc ccctgatgcg gtgatgtggc ggcggatccal140
     gttcacgtag gcagggacac gagtgtagac tccccggcct gttggggcgg tcgc
35
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 231 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

55

40

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

```
5 gcctgatgag agccacttgg gttaagaaac tacctgtgaa tagtcatcat ttctgtcctt 60 cattggggaa tacttttaga ggccagtttc caaaaattct gcttaaaaaa gaattctggt120 tttgtcttac tcttccagat gagatatcac agaggcttgg gcctagattg tcatcagcat180 actgctatac tattcgtttg ttcttattaa gccttattgt gtgtaatgct g 231
```

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1776 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:

15

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```
cggcaggcag ccatcttgcc tggagcctga gaaagggagg agagacagaa ggaaccggcg
      acagtggtct cagggccgct ccggggggcc tcaagaaccg gaggcagccc cggaggctgc 120
 35
      cgcgggcgga cacgccagag gaggaggccg gggaatggcc gcggtgtggc agcaagtctt 180
      agcagtggac gcgaggtaca acgcgtaccg cacaccaacg tttccacagt ttcggacgca 240
      gtatatccgc cggcgcacca gctgctgcgg gagaatgcca aggctgggca ccccccagcg 300
      ctgcgtcggc agtacctgag gcttcggggg cagctgctgg gccagcgcta cgggcccctc 360
 40
      tccgagccag gcagtgctcg tgcctatagc aacagcatcg tccgcagtag ccgcactact 420
      cttgaccgca tggaggactt tgaggatgat cctcgggccc tgggggcccg tgggcaccgt 480
      cgttctgtca gcagaggctc ctaccagctg caggcgcaga tgaaccgtgc cgtctatgag 540
      gacaggeece etggeagegt ggtgeecacg teageageag aggeaagteg ggeeatggee 600
      ggggacacgt cactgagcga gaactatgcc tttgcgggca tgtatcatgt ttttgaccag 660
 45
      cacgtggatg aggcagtece aagggtgege ttegecaatg atgacegaca eegeetggee 720
      tgctgctcac tcgacggcag catctccctg tgccagctgg tgcctgcccc acccacagtg 780
      cttcgcgtgc tacggggcca cacccgtggt gtctccgact tcgcctggtc cctctccaat 840
      gacatecteg tgtecacete actggatgee accatgegea tetgggeete tgaggatggt 900
      cgctgcatcc gagagatccc tgaccccgat agcgctgaac tgctctgctg caccttccag 960
      cctgtcaaca acaaceteae tgtggtgggg aacgccaage acaacgtgca tgtcatgaac1020
 50
      atetecacag geaagaaagt gaaggggge tecageaage tgacaggeeg tgteettget1080
      ctgtcctttg atgcccctgg ccggctgctc tgggcgggtg atgaccgtgg cagtgtcttc1140
      tettteetet ttgatatgge cacagggaag etgaccaaag ccaagegttt ggtggtgcat1200
      gaggggagcc ctgtgaccag catctcagcc cggtcctggg tcagccgcga ggcccgggat1260
- 55
      ccctcactgc tcatcaatgc ttgcctcaac aagttgctgc tctacagggt ggtagacaac1320
```

15

20

30

```
gaggggaccc tgcagctgaa gagaagcttc cccatcgagc agagctcaca tcctgtgcgc1380 agatcttctg tcccctcatg tccttccgcc agggggcctg cgtggtgacg ggcagtgagg1440 acatgtgcgt gcacttcttt gatgtggagc gggcggccaa ggctgctgtc aacaagctgc1500 agggccacag tgcacctgtg cttgatgtca gcttcaactg cgacgagagc ctactggcct1560 ccagtgacgc cagcggcatg gtcatcgtct ggaggcgga gcagaagtag ggtcctgtcg1620 gccctgctgc tgtcctccat cccacccctc ttactccagc ctcgtgttgt aaataaagtt1680 tcggtggtca tgctgagggc cggctccag ctctgcggg gacggacagg gcagagggca1740 gcgggcagct ccaggaacac ggtgaaaaaa aaaaaa
```

- 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1242 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

```
ccccggacaa ggccgagtac tgcaatcccc catggcgcca atacagggcc ctgaacgcct 60
35
     tgcccggtgc ccttgaatta aagtccttct tcaacgccct tgtatggcga gaagcgaact 120
     ttgagccccc agagacctga cccaacaccc ccgacggcct ccaggagggg cctgggcagc 180
     cecacagtee catteeteca etetgtatet atgeaaagea etetetgeag teeteegggg 240
     tgggtgggtg ggcagggagg ggctggggca ggctctctcc tctctctt tgtgggttgg 300
     ccaggaggtt cccccgacca ggttggggag acttggggcc agcgcttctg gtctggtaaa 360
     tatgtatgat gtgttgtgct tttttaacca aggaggggcc agtggattcc cacagcacaa 420
40
     eeggteeett eeatgeeetg ggatgeetea eeacaceeag gtetetteet ttgetetgag 480
     gtcccttcaa ggcctcccca atccaggcca aagccccatg tgccttgtcc aggaactgcc 540
     tgggccatgc gaggggccag cagagggcgc caccaccacc tgacggctgg ggacccaccc 600
     agecectete ecetetetge tecagactea ettgecattg ccaggagatg gececaacaa 660
45
     gcaccccgct tttgcagcag aggagctgag ttggcagacc gggcccccct gaaccgcacc 720
     ccatcccacc agccccggcc ttgctttgtc tggcctcacg tgtctcagat tttctaagaa 780
     caaaaacaaa aaaactataa aaaagaaaga attaaaaact ttcagagaat tactatttac 900
     tttattaact tacggattta ttatataaat atatattcac ctagcaacat atctctgccg 960
50
     teteteetge teteataatg aagacatage egattetetg eeegggeece ttgetgatge1020
     tecteegggt etgegteggg egtgggtete tggggaeeet eeagaggtgg aggtgggetgl080
     atggcctggc tgcctggtgg ttgatggttt tgctccccct acctttttt tttgagtttal140
     ttctgattga tttttttct tggtttctgg ataaaccacc ctctggggac aggataataa1200
     aacatgtaat atttttaaga aggaaaaaaa aaaaaaaaa aa
55
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

10

20

40

```
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
```

- (A) LÄNGE: 553 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 15 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9
- aagegetgae geatgegeat agetaacege acceggttea getegeettt ettggeeaga 60 ggegeeggtt ggaeteaeg geggggeatg atggtggtg gtaegggeae etegetggeg120 eteteetee teetgteeet getgetett getgggatge agatgtacag eegteagetg180 geeteeaetg eetteaataa tetggagaat ettgtettt geaaaggatt eeaggteet ettegtte240 atetteetg agatteteet gtgeeteetg ttggetetet ttgeatetg eetteaatg300 egagtetgtg teaeeaeetg etteatette teeatggttg gtetgtaeta eatetaaeag420 ateteetea eeetgtaeea ggeageaget eeagteetea ggeageage480 aaaaaaaaaa agagaaaetg aeeetgaatg tteaataaag ttgattettt gtaaaaaaaa540 aaaaaaaaaa aaa
- 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 50 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

```
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
```

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```
gaaaaacagc tcgcgctgca caaagataga cggggagctc ccccaggctc ctctgtgctt
      tactaagatg geeteagtet ceaetgtggg ettgagtgge atacactgtt atteatggtt 120
      aaggtaaagc aggtcaaggg atggcattga aaaaatatat ttagttttta aaatatttgg 180
      gatggaactc cctactgacc tetgagaact ggaaacgagt ttgtacagaa gtcagaactt 240
      tgggttggga atgagateta ggttgtgget getggtatge tteagettge tggcaatgat 300
10
      gtgccttgac aaccgtgggc caggcctggg cccagggact cttcctgttt cataaggaaa 360
      ggaagaattg cactgagcat tecaettagg aagaggatag agaaggatet geteegeett 420
      tggccacagg agcagaggca gacctgggat gccccagttt ctcttcaggg atggatagtg 480
      acctgtcttc attttgcaca ggtaagagag tagttagcta acctatggga attatactgt 540
      ggggcettgt gagetgette taagaggeta acetggaaae taageteaga ggeaaggtaa 600
      taaagcactt cagggettge teeccaagtg ggeetgattt ageaggtggt eetgegggeg 660
      tccaggtcag caccttcctg tagggcactg gggctagggt cacagecect aactcataaa 720
      gcaatcaaag aaccattaga aagggeteat taageetttt ggacacagga eeceagagag 780
      gaaaaagtga cttgcccaag gtcgtaagca agctactggc atggcaagag cccagcttcc 840
     tgacggageg caacatttet ceactgeact gtgetageag etcageaggg cetetaacet 900
20
     gtgatgtcac actcaagagg cettggcage tectagecat agagetteet ttecagaace 960
     cttccactgc ccaatgtgga gacaggggtt agtggggctt tctatggagc catctgcttt1020
     ggggacctag acctcaggtg gtctcttggt gttagtgatg ctggagaaga gaatattact1080
     ggtttctact tttctataaa ggcatttctc tatatacatg ttttatatac ctcattctgal140
     cacctgcata tagtgtggga aattgctctg catttgactt aattaaaaaa aaaaaaaag1200
25
     acaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1721 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

35

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 45 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```
cgacaatatt cctacagttg tatgggtggc atgttggcaa tttgtgatgt agccgaatat 60
aggaagtgtg ccaaagactt caagattcca atggtattac atctttttga tactctgcat 120
gctctttgca atcttctggt agttgcccca gataatttaa agcaagtctg ctcaggagaa 180
caacttgcta atctggacaa gaatatactt cactccttcg tacaacttcg tgctgattat 240
```

```
agatetgeec geettgeteg acaetteage tgagattgaa tttacaaagg aatteagtgt 300
     cagtteettt acagaggaat gtettataet teageageee teggttgata gaaageacag 360
     gagatacett atgacacage caacattttg tgaaacaatg actggaacaa aacagcagee 420
     atacttacct ttgaggtttt atttaaagtt tggataccac tagctatatt ttgctttttt 480
     cccctcacat tgaattttaa ttccattctt gaatgtagaa atttcagatt ctctaaaact 540
     acatgicact gittitatcc tagaaaatgi tgctgicaga aggcaaagga aatgitacca 600
     gtgttttcgg ttcttgtact tttaacatat tccatttaga aattttgcca ttctgttttc 660
     cattaataat aggtgaaata caggaaaact acatttgtta ttcctcagtt tttaatqacc 720
     ttttcagcat caattgttaa tcagattatt ttaggttttc gtaaataatt tttttgcctc 780
10
     tttcaaaaagg ttaacaatta agcatacttt ctgcagttgg ttgattggat ttttttctga 840
     ggtacagcat taatactagt ccaaaaaatg tcataaactg aactaaaatg atgaactatt 900
     ttatqtaqac attaggagtg gatcggaata cttctgcttt ctgggtaaaa cttaaaagtt 960
     tactatttct tatttggtaa atagatttta agccaattct agtaagaaat taataaaact1020
     accttatttt gtatttcact taaggtggag gaccttaact aaaggaccat atttattcat1080
15
     tattttaata ttataaggga agtaaaaaaa agtgaggtat agtctaaatg qtqcatataq1140
     gaaatactga cagtgtttag caacatgcag ccctttgaga tttctgtcgt aatgctaaac1200
     ttgaataaga tggaatggct gaacatgtgg ttagtctttt attttaagaa gaattgagaa1260
     ttgatagatt tggagatgag ctttgcaaag gctgtttgct tttcatgtct ataggtctgt1320
     cattgtcctt tttcaaagca tttctgaagt tattcctact tggatatagt taatggaatt1380
     qqcttaattt gatgacataa taaatcactt ataaaatttt aaatatcaag tgaaaattta1440
20
     qaaaqqccat tactattcta taaaccttat aaacttgctc tgggagaatg cattctaaat1500
     tatatatagt gtttcagctc ccattgtggt gttcatagtc ttctaggaac agataaactt1560
     aagtattcaa ttcactcttg ggcatttgtt cccggaggcc ccccttttta gccgatttt1620
     gggaaaacct gcttttcttc tgaggaacct tattctggaa tgtcatccac tttacccaaal680
25
     ccgttctaag gtccagaggc taaccgaggt actggtttag g
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1074 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

cgagcgette etcaccact gegacggea cegggeetge ageacetace gaaceateta 60 taggacege tacegeega geeetgget ggeeeetgee aggeeteget aegegtgetg 120 ecceggetgg aagaggaca gegggettee tggggeetgt ggagcageaa tatgeeagee 180 geeatgeegg aacggagga getgtteea geetggeege tgeegetgee etgeaggatg 240 geggggtgae aettgeeagt eagatgtgga tgaatgeagt getaggaggg geggetgtee 300 ecagegetge gteaacaceg eeggeagtta etggtgeeag tgttgggagg ggeacageet 360 gtetgeagae ggtacactet gtgtgeecaa gggagggee ecceaacee 420

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 194 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 30 **(C) ORGAN:**

20

25

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 218 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

20

35

```
(iii) ANTI-SENSE: NEIN
```

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

```
cttgggtacg tgagcagggt gttaagttag ggtctgcctg tatttctggt ccccttggga 60 atgtcccctt cttcagtgtc agagctcagt gccagtgtgc atatggtgcc cagaggagta120 gacattgtgc tgccccagcc ctgccccagt gcgctctgag ctagctagtg cctggggccc180 agtgacctgg gggagcctgg ctgcaggccc tcactggt
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```
40
     geegagtege tgaeegageg caeecegeee eeggegeeat etteeegaee gegageegte 60
     caggteteag tgetgtgeee ecceeagage etagaggatg ttteatggga teccagecae120
     gccgggcata ggagcccctg ggaacaagcc ggagctgtat gaggaagtga agttgtacaal80
     gaacgcccgg gagagggaga agtacgacaa catggcagag ctgtttgcgg tggtgaagac240
     aatgcaagee etggagaagg eetacateaa ggaetgtgte teeeccageg agtacaetge300
45
     agectgetee eggeteetgg tecaatacaa agetgeette aggeaggtee agggeteaga360
     aatcagetet attgacgaat tetgeegeaa gtteegeetg gaetgeeege tggeeatgga420
     geggateaag gaggaeegge eeateaeeat eaaggaegae aagggeaace teaacegetg480
     categeagae gtggtetege tetteateae ggteatggae aagetgegee tggagattee540
50
     gegecatgga tgagatecag ecegacetge gagagetgat ggagaceatg cacegeatga600
     qccacctccc acccgacttt gagggccgcc agacggtcag ccagtggctg cagaccctga660
     gcggcatgtc ggcgtcagat gagctggacg actcacaggt gcggcagatg ctgttcgacg720
     tggagtcagc tacaaagctt aacgct
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2784 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```
25
     cagagctggt ggaggtggag gtcagtattg tgagcgaggt gaagctgctg cgcaaggaga 60
     gccgcaacat gaactcgcgg gtcacgcagc tctacatgca gctcctgcac gagatcatcc 120
     gcaagcggga caacgcgttg gagctctccc agctggagaa caggatcctg aaccagacag 180
     ccgacatgct gcagctggcc agcaagtaca aggacctgga gcacaagtac cagcacctgg 240
     ccacactggc ccacaaccaa tcagagatca tcgcgcagtt gaggagcact gccagagggt 300
30
     geoctogged aggoodged occagedade decegetged degedeggg totaccaace 360
     acccacctac aaccgcatca tcaaccagat ctctaccaac gagatccaga gtgaccagaa 420
     cotgaaggtg otgocacco ototgoccac tatgoccact otoaccagoo toccatotto 480
     caccgacaag ccgtcgggcc catggagaga ctgcctgcag gccctggagg atggccacga 540
     caccagetee atetacetgg tgaageegga gaacaccaae egeeteatge aggtgtgqtg 600
35
     cgaccagaga cacgacccg ggggctggac cgtcatccag agacgcctgg atggctctgt 660
     taacttcttc aggaactggg agacgtacaa gcaagggttt gggaacattg acggcgaata 720
     ctggctgggc ctggagaaca tttactggct gacgaaccaa ggcaactaca aactcctggt 780
     gaccatggag gactggtccg gccgcaaagt ctttgcagaa tacgccagtt tccgcctgga 840
     acctgagage gagtattata agctgegget ggggegetae catggeaatg egggtgaete 900
40
     ctttacatgg cacaacggca agcagttcac caccctggac agagatcatg atgtctacac 960
     aggaaactgt gcccactacc agaagggagg ctggtggtat aacgcctgtg cccactccaa1020
     cctcaacggg gtctggtacc gcgggggcca ttaccggagc cgctaccagg acggagtctal080
     ctgggctgag ttccgaggag gctcttactc actcaagaaa gtggtgatga tgatccgacc1140
     gaaccccaac accttccact aagccagctc cccctcctga cctctcgtgg ccattgccag1200
45
     gagcccaccc tggtcacgct ggccacagca caaagaacaa ctcctcacca gttcatcctg1260
     aggctgggag gaccgggatg ctggattctg ttttccgaag tcactgcagc ggatgatgga1320
     actgaatcga tacggtgttt tctgtccctc ctactttcct tcacaccaga cagccctca1380
     tgtctccagg acaggacagg actacagaca actctttctt taaataaatt aagtctctac1440
     aataaaaaca caactgcaaa gtaccttcat aatatacatg tgtatgagcc tcccttgtgc1500
50
     acgtatgtgt ataccacata tatatgcatt tagatataca tcacatgtga tatatctaga1560
     tecatatata ggtttgeett agataeetaa atacaeatat atteagttet eagatgttgal620
     agetgteace ageagetttg etettaggag aaaageattt cattagtgtt gtattacttg1680
     agtctaaggg tagatcacag actgtgtggt ctcaactgaa aggatcaccc ttggcatctg1740
     tgtgcctgga ttcttccaga atgtctacaa tgctaatctc tcacatagag gttcccagct1800
55
     tettaagaae eeettttgge acetaateaa attteaaaat eeeteeeee acatttteat1860
     acttttcccc attctcagga cttttcacca tccatcaccc acttatccct tcatttgaca1920
     ccattcatta agtgccttct gtgtgtcagt ccctggccac tcactqcaqt tcaaggcccc1980
```

```
ctttccgctc tgctgtactc ctcgcctacc tactccttgc cttttctgtc qcacagcccc2040
     ttctttccag gcgagattcc tcagcttctg agtaggaaac actccgggct ccaggtttct2100
     ggttgggaag ggaaggccag gccaaaagct ccaccggccg tatagataat gtactcgcag2160
     ttttgtatct tccattcata ctttaaccta caggtcattt gagtcttcac acaaataata2220
     acctatctgg ccaggagaat tatctcagaa cagaagtcat cagatcatca gagcccccag2280
     atgqctacag accagagatt ccacgctete aggetgaeta gagteegeat eteateteea2340
     aactacactt ccctggagaa caagtgccac aaaaatgaaa acaggccact tctcaggagt2400
     tgaataatca ggggtcaccg gaccccttgg ttgatgcact gcagcatggt ggctttctga2460
     gtcctgttgg ccaccaagtg tcagcctcag cactcccggg actattgcca agaaggggca2520
10
     agggatgagt caagaaggtg agaccettee eggtgggeae gtgggceagg etgtgtgaga2580
     tgttggatgt ttggtactgt ccatgtctgg gtgtgtgcct attacctcag catttctcac2640
     aaagtgtacc atgtagcatg ttttgtgtat ataaaaggga gggtttttt aaaaatatat2700
     tcccagatta tccttgtaat gacacgaatc tgcaataaaa gccatcagtg ctatttggat2760
     gtatctaaaa aaaaaaaaaa aaaa
15
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 806 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

35

20

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```
agcaaaacag gagaggagga aagatcagag agagagggaa aaccagagat agagggaaag 60
40
     ccagagagtg aaggagagcc agggagtgaa acaagggctg caggaaagcg cccagctgag120
     gatgatgtac ccaggaaagc caaaagaaaa actaataagg ggctggctca ttacctcaag180
     gagtataaag aggccataca tgatatgaat ttcagcaatg aggacatgat aagagaattt240
     gacaatatgg ctaaggtgca ggatgagaag agaaaaagca aacagaaatt gggggcgttt300
45
     ttgtggatgc aaagaaattt acaggacccc ttctacccta gaggtccaag ggaattcagg360
     ggtggctgca gggccccacg aagggacatt gaagacattc cttatgtgta gtgtccctgg420
     cctqttgcta gcagcctttt gacctatctg caatgcagtg ttctcagtag gaaatgttca540
     tctqttacat ggaaaaaatg ttgatggtgc attgtaaaat taaaaaacac aacttgcaga600
     accaaatata tggcatcagt acatttttgt aaaactacaa agatacttac ctagtaatat660
     agtatagaaa acaattctga aagctgtgtc cactaaaaga ttaacagtgg ttatctctgg720
     gtgaattttt cgggttcctt tttggttcat ctgtccagtt ttcccccaaa acaqagttcc780
     ttagtcgtaa aatattaaat ttgaag
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1534 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20 (vi) SEQUENZ DE
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```
tacctttgac aagatggcgg caggaggcag tggcgttggt gggaagcgca gtcgaaaagc 60
     gatgccgatt ctggttteet ggggetgcgg cccaettegg tggacccage getgaggegg 120
     cggcggcgag gcccaagaaa taagaagcgg ggctggcggc ggcttgctca ggagccgctg 180
25
     gggctggagg ttgaccagtt cctggaagac gtgcggctac aggagcgcac gagcggtggc 240
     ttgttgtcag aggececaaa tgaaaaacte ttettegtgg acaetggete caaggaaaaa 300
     gggctgacaa agaagagaac caaagtccag aagaagtcac tgettetcaa gaaacccett 360
     cgggttgacc tcatcctcga gaacacatcc aaagtccctg cccccaaaga cgtcctcgcc 420
     caccaggtcc ccaacgccaa gaagctcagg cggaaggagc agctatggga gaagctggcc 480
30
     aagcagggcg agctgccccg ggaggtgcgc agggcccagg cccggctcct caaccettct 540
     gcaacaaggg ccaagcccgg gccccaggac accgtagagc ggcccttcta cgacctctgg 600
     gcctcagaca acceeetgga caggeegttg gttggeeagg atgagttttt cetggageag 660
     accaagaaga aaggagtgaa geggecagea egeetgeaca ceaageegte eeaggegeee 720
     geogragagg tggegeetge eggagettee tacaateeat cetttgaaga ceaccagace 780
35
     ctgctctcag cggcccacga ggtggagttg cagcggcaga aggaggcgga gaagctggag 840
     cggcagtggc cctgccgcc acggagcagg ccgccacca ggagtccaca ttccaggagc 900
     cggaggtggg gatgccgagg tctgtcccac gcccgcccgc ctggccacca cagagaagaa1020
     gacggagcag cagcggcggc gggagaaggc tgtgcacagg ctgcgggtac agcaggccgc1080
40
     gttgcgggcc gcccggctcc ggcaccagga gctgttccgg ctgcgcggga tcaaggcccal140
     ggtggccctg aggctggcgg gactggcgcg gcggcggagg cggcggcagg cgcggcggga1200
     ggetgagget gacaageeee gaaggetggg aeggetcaag taccaggeae etgacategal260
     cgtgcagetg ageteggage tgacagacte geteaggace etgaageeeg agggcaacat1320
     cettegagae eggtteaaga getteeagag gaggaatatg ategageete gagagagage1380
45
     caagttcaaa cgcaagtaca aggtgaagct ggtggagaag cgggcgttcc gtgagatcca1440
     gttgtagetg ccatcagatg ceggagacte gecetteaat aaaaaatete ttetagetga1500
     aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaataaa aata
```

- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 807 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
- 55 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```
tttgagggta atgcaacttc ttatttatta atatataata acaacaatta tacagctcat 60
     atctgcaact gttaggtctt tgttatgtct tggtcacttt gtctggactg gccgtgacct120
20
     tcagctccag ggtctgggct aggaagacgt tccagtgacc ttcgtggggg ccagcgagcal80
     gtcggaagtg ctgtgcctct ttctggaagt cttgcttcct gactttcttg atctgagtca240
     agtggaagat teettttace agetteeaga ggtggatete caccaagtee gaggeeteqt300
     gttccagggc aaagcgacgc aggttgtctg ggcctttggg gataccgatg tgtggacgag360
     gacccggccc ggtgccttgg gacacctggt agaactgatc tcactgtggc cagggtctgc420
25
     tttgtcctct gggcaaatct tgcagcactt cccagccact ttctcggggt gacggcaggg480
     gtactcggtg ggacaggtca cacgctggca gtcctggcgg ccatcctcac aggtgcatag540
     gatgcagggc aaggggccga aggcacggaa ggccgggtgc cacacctccc cgtgggagta600
     cgtcttcccg ccatgcacac aggctttctt atgtttctcc ttcaggacga tcttgacagt660
     tgtgctgcct gctcccttgg gtctgaagtg gcgagggata aagctcagag gggcgctgag720
30
     gccagtgggg gctggggtcg accgggcctc tctttctccc aggatggatg ggaacaggga780
     tgctgagggt gtctaagccg gtgggag
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:
- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 3389 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 50 **(C) ORGAN**:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```
ctcccacaac aatttcattg ttgttagcat atctatttct ccatacattg taaaactgta 60
      atccttaggt atttctaaaa cataaagagg agaattaagt cagctgcaga acaatggggc 120
      tgattcttct gctttttctc tggaaaatct ttcattgctt ttggtggaaa tttacctaga 180
      gqttacaacc acaggatgta gcttggtctc ttatttgcct tttttgggaaa ccaattaaga 240
      ttaatacagg ataaaggaaa aaagcaatct attcattata taacacagtt gtttgtatta 300
      cttgttccct gcaaaggaaa tctgttgaat gcttgcattt tgaattcttt tctaatagaa 360
10
      caaccaaaaa aggcttctta tggtgcagca ggaaaaaaga tcatttttat agctttgcat 420
      tottaacata gcatttaaag agoggcatga attagaggaa agacatggaa cacacaggta 480
      gtcggtttga gatcatcggc ttaaaagtat cctaggatgg taatgaccca gaagtatttc 540
     cagttgtcta gtggtgtggt atgcaggaat gagaagtgtt ttctttccat ttcctgttgg 600
     acaggtggca atcttagcag agccactatt tggagttgat aactaaagat gcaaataaca 660
15
      tgactatgcc ttctggtcat cctaggacta tttggagttc tccaaaacct tgtaagaggc 720
     atgtcaggca tgcagtaaaa gcatctacaa cttcagctgg gcactggcag cataggtctc 780
     atcttggacc atacagtccc actttataga agagggtgga agttctccaa aacaatatcc 840
     acaacaaagt ctgacctcac tctgagggag atgggaagtg ggaggaagaa ggactaacca 900
     gctccctgga gtaagaggaa tttgctttcc ctgtctgccc accaggggct atatgtgcca 960
     cetttcaggt tggggccaag gaagtgatgt cagtgtgaca gaagggagag ttagacctcc1020
20
     agacgicage etecetecea tggggtacat titeaatetg agtgttgttg cettagetgt1080
     gttggtatta gcttgattgg ttggtccgct ggttatgagg tgtagggagg cagtttttgt1140
     ttagttttta ggactttgcc tcttcctttg tccttagcat aatttctagg cagagcatcc1200
     acgaagtcgg ttttcattgc cagctcaaga gcgacaatca tttacgagtt cctatgttat1260
25
     gttaggtgcc ttatgtatat tatcccaaat ccactgcatg gtttaaatac aggcactggal320
     atataaatga aaaaggtcat tacagtcact gactttctgc aggaccttaa acatttctct1380
     ttccacaagt ttccccttaa tcatgtgtca aacctctctt cctgacggga atgttgtgct1440
     ataatgaatc tgcataacgc ttgggattct aggaggaagg aaggttccat ggacatgtaa1500
     gtacagcata ttcccctcag tcttctagga gggcagagtg aatcccagaa ctggtaagat1560
30
     tgggaatctg agcattgcca ctttaatctt agaatattta tcattttgac acatcctgtt1620
     ttttagagag gaaaacaaac acagtttctg cattggtagt gtaaagcata ccttgttagg1680
     aacgtgtttt gtaagacaca tttgggttgt cattctagag catgtcaaac tttgtacttc1740
     aaaatatatt tagtatgatt gttagtggta acatatatca aggetttgaa ttaactgttt1800
     tatttaattt tcacaagaag cacttatttt agccatagga aaaccaatct gagctacaaa1860
35
     tagttcttta aaataagccc aggttattta gctattctag aaagtgccga cttctttcaa1920
     gaagcaggca ttgtaggaca gctgagaatt atcacatagc ctaaattcta gcctggcagc1980
     aagagtcaca tetgagatgt eeaaaaaaaa aaaaaaaaaa caeetgatet acattgaaag2040
     ggggtagact aacgtatgtg agaccatttt cctatttgca gttacaaggt taaagaactt2100
     tgaaggtcat tcggctgcta agaggcatgt cgaacactct gtgtggctct ttcacagtaa2160
     accetectaa gageagaaga caeatggetg ttagtgtetg egtttagatt taatttetea2220
40
     aataaaggee ettggetgeg tateatttea teeagttata aactaggget eetgeaagea2280
     cccccattct aagggtgaat tattgaaatc agttgctatt tgatgagtca caactggccc2340
     agcaggcagg gcatttgaag tcatggtcat caaaaagaaa tgattgtttt ttgaaaagct2400
     aaatgettaa aatgetteta gagggaagte gtggggegtg tgeteattet etttaaaate2460
     agggttgttg agtttgtttt taaacatttt tataagttca tgagaaaaaa tatataaatt2520
45
     ctaagaacca acactgtatt cccagaaaca tgaccctcgc tggtcttggg tccacatatc2580
     attggactct gggggacaca aagatgcctg tgacactttg gtgttgccga gttagtcaac2640
     aattattctg ggaaaaagca gaattgaatt cttctctaga tgtcctacca gggttggcca2700
     agggccacaa agcaggctaa taaattccca caggatccag acaccaggca aaattgctct2760
50
     aagaagccag ttactgtcat ccctctatgg ttctagaaaa aatagtacaa aaatgacagg2820
     tcatcctatg agcgtcatgc caatgaaacc ccatcttctg gagaagccct tgaatcagaa2880
     ttatcttttt tcttgatgtc gtcagatgca gccagtttct taattttttt aaaaactgta2940
     tgtttctgtg gtatgtatat ttgtacacct aactacctgg cacttggaaa tcacagcact3000
     actcagagge aattgaataa agagaaattt aattttaaat atcaagteet gtcaaacatt3060
55
     tctcaaactt ctgattttat caaaggtttg ccagccaata aagtgcatcc caagtataca3120
     ggggagaaag ctagactcct acagggtcct agagtttaag taattttttt qttattaata3180
     taggtaataa tttttctaat ttttattttt tggttccaaa tgtaaagctc cttgtgttta3240
     cetetgttta tgtcattett gacatgttta tetaaattat gtgtgetetg tgacaggtga3300
     aatgtaaatc tgggatccat agtcaagata tcataaggac ctacttccca gcctaccttt3360
60
     cttcctctac ctgataatga taatactca
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1919 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

10

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```
caccicctee eegggagace gattgeggaa eccacettee teetactgtt caagtaccag 60
25
      ggggccctgg tcccgcaaag ggaagaaaaa gcaaaaagac cgaaaatggc taaattcggt 120
      gatecgecca gecaetgeeg ecgaetgeag tgacatactg eggetgatea aggagetgge 180
      ttaaatatga atacatggaa gaacaagtaa tottaactga aaaagatotg ctagaagatg 240
     gttttggaga gcaccccttt taccactgcc tggttgcaga agtgccgaaa gagcactgga 300
     ctccggaagg taacccctcg ccctttccag aagccagaga gaccaagtgt tatgtaagaa 360
30
     gtagtgtcgg ctgtgtagaa ccactgacta cacaggccga agttactgag aacttggaca 420
     gaaaaaatag ccagcaagtg ttcaaactac tgaggaaaaa aaaaaattag atatgctgca 480
     cttaagaata ctagggcagg ttaaaagagc tgtttaagta agtatcagag tgctgtggag 540
     actoggaagt gtttaagctg cttaagtaag tataagtgct gtggagacco ggaagagtta 600
     gatataatgt catttgttgt aattcagttt cataaaatgg ttcttgtttg accctaacgt 660
35
     aacagtttit gtaatigigt taaatcacat ttttttctit aattigtccc aatcttcagg 720
     ttacagtete tagettegee atgtacatgg ecetteegtg tacatggatg ggeggggagg 780
     taactaaaag atcetttaca caataaagta gatgateatg ataaatgagg taaggteeta 840
     ttatcacaca cttcaaacac ggtagatcag aaacccacta tgatactcgc ttcctgtctg 900
     tttgctaagg aatataaaat ggctagaaag tttaatttga aacctttgcc tccatttgga 960
40
     atagtagaca ccagttaaga gggtgtcaga tgcctttttt tggctggtcc ctgttgattg1020
     gtcagaagac agctcagcta aaaggggaag ttgtctgggt ggttgctttt tttctgacgt1080
     ctgttcctca ggctggaaga aatgagcaga aaacaaggga tgagtacttt ttagagtatg1140
     tgcatgttac gtaatacctg tttctgggca atgctgcttc ttctgactca acaaatgggg1200
     agagcaaatt gaaaatgegt aaattggaag gcaagttetg aaattaaaeg ttgtactttg1260
45
     gcctgatgtt ctgaccttta aggaagcaag agtttgtaaa cttccaaata tttactattc1320
     tgaactgccg tgtaaacctg acgtattccc aagtcaacat accagtatac caataggatg1380
     tgaataatgt gtgtgttgag tttaaaacca tagcagtttt gctctggcaa gtaatgaaag1440
     cgttctcgct tcctgagtgt gagctccagc agactgcaga gtggccagtc cacagttgta1500
     geetgaette agtgagttet gatgtgtget tittgeaaat acatgttete agaacagtgal560
50
     gatcatccag cagtggcctg gactgcactc acataaaaat catgagacag ccatggctac1620
     ttgtttctgt aatacatgca tgtgtgtttt ttaaaaccta tgataggcct ctgattctgc1680
     agetgeaact tttatggaat gittieette tecacatete aigtgatget ettattacag1740
     gacacagcat tgttggtttt gccatgtact attttaccta tgacccgtgg attggcaagt1800
55
     tattgtatct tgaggacttc ttcgtgatga gtgatataga gcttggcaaa gatcagaaat1860
     ctgaagaatc taagccagtt gcaatgagtg tcgctgcaac aacgtgcact cctgggagg 1919
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 280 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

20

25

30

35

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

cccacgcgtc cgcccacgcg tccgaaaacc atcaaggtat ggaataccct gggtgtgtgc 60 aaatacactg tccaggatga gagccactca gagtgggtgt cttgtgtccg cttctcgccc120 aacagcagca accctatcat cgtctcctgt ggctgggaca agctggtcaa ggtatggaac180 ctggctaact gcaagctgaa gaccaaccac attggccaca caggctatct gaacacggtg240 actgtgtgtg cagatggatc ctgtgtggtt tggggggagg

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 451Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```
tcaaattccg aagcgaaaac ttcgtgccc aacaatgtcc tctggtcctt gttaaacacc 60

tctcttcaatg aacccctgc tgcctgggct ttcaataaga attcgcctac tccgtggaag120
tctagggaca ggaagatggt tggcgacgtg accggggccc aggcctatgc ctccaccgcc180
aagtgcctga acatctgggc cctgattctg ggcatcctca tgaccattct gctcatcgtc240
atcccagtgc tgatcttcca ggcctatgga tagatcagga ggcatcactg aggccaggag300
ctctgccat gacctgtatc ccacgtactc caacttccat tcctcgccct gccccggag360
ccgagtcctg tatcagcct ttatcctcac acggttttct acaatggcat tcaataaagt420
gcaagtgttt ctggtgaaaa aaaaaaaaaa a
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1011 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

20

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

35

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 30 **(C) ORGAN**:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```
ctcgagccgc tcgagccatg actgtatcag gttaagatat agtctgtgga tqgatcatct
     gatgatgatg gataaatttg atttttgctt tgggtgggct cctcttgggg atggattatg 120
     gaatttaaac catgtcacag ctgtgaagat ctggcacaag atagaatggt aaaaaaaaa 180
40
     aaaattttaa gtgacagtgc catagtttgg acagtacctt tcaatgatta attttaatag 240
     cctgtgagtc caagtaaatg atcactttat ttgctaggga gggaagtcct agggtggttt 300
     cagtttctcc cagacatacc taaattttta catcaatcct tttaaagaaa atctgtattt 360
     caaagaatct ttctctgcag taaatctcgc aggggaattt gcactattac acttgaaagt 420
     tgttattgtt aaccttttcg gcagctttta ataggaaagt taaacqtttt aaacatqqta 480
45
     gtactggaaa ttttacaaga cttttaccta gcacttaaat atgtataaat gtacataaag 540
     acaaactagt aagcatgacc tggggaaatg gtcagacctt gtattgtgtt tttggccttg 600
     aaagtagcaa gtgaccagaa tctgccatgg caacaggctt taaaaaagac ccttaaaaag 660
     acactgtctc aactgtggtg ttagcaccag ccagctctct gtacatttgc tagcttgtag 720
     ttttctaaga ctgagtaaac ttcttatttt tagaaagtgg aggtctggtt tgtaactttc 780
     cttqtactta attgggtaaa agtcttttcc acaaaccacc atctattttg tgaactttgt 840
50
     tagtcatctt ttatttggta aattatgaac tggtgtaaat ttgtacagtt catgtatatt 900
     gattqtqqca aaqttqtaca gatttctata ttttqqatqa qaaatttttc ttctctctat 960
```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

10

15

20

25

30

35

40

```
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
          (A) LÄNGE: 302 Basenpaare
          (B) TYP: Nukleinsäure
          (C) STRANG: einzel
          (D) TOPOLOGIE: linear
       (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
          hergestellte partielle cDNA
      (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
      (iii) ANTI-SENSE: NEIN
      (vi) HERKUNFT:
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
          (C) ORGAN:
      (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
          (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
       (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25
     gtettggete tgtcacecag getgggttge agtgageegg gattgtgega etgactecag 60
     cctgggtgac agggtgaaac gccatctcaa aaaataaaaa ttaaaaaata aaaaaagaac120
     ctqqatctca atttaatttt tcatattctt gcaatgaaat ggacttgagg aagctaagat180
     catagctaga aatacagata attccacagc acatctctag caaatttagc tattgctatt240
     gttaggctat tgcttacagc tgtatttgac catatacttg qaqttqaata ttgttttcat300
    (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:
       (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
          (A) LÄNGE: 1931 Basenpaare
          (B) TYP: Nukleinsäure
          (C) STRANG: einzel
          (D) TOPOLOGIE: linear
       (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
          hergestellte partielle cDNA
      (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
      (iii) ANTI-SENSE: NEIN
45
       (vi) HERKUNFT:
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
          (C) ORGAN:
      (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
50
```

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```
gttccttttg ttttttctgt ttcttttctc gttgtttttc tttcctttta atagttaaga 60
     gattttattc taatagctat aattacagtg cttgtttgtc gaaatgaaaa ctgaaaacaa 120
     gtatacaaaa cagttgatta ctaatcgtgt attgaaagca gtaagaggtt ccacgacacc 180
      aaatagacca gttctgaggt ttccccaaga taaatttaac agctccagct tcagtgttta 240
     tcaaaataca aaagaaaaaa gtagaggttg tetttttega tggeaaateg gaceettgea 300
     ggctgaggga gagaaagcta catcacacac agaggtgggg tgctcccgag gggctgtggg 360
     tetaggigga degecigede ggeitgeaeg egeiceigei ggigaggede dagadatect 420
10
     gccaaagtgt ctgagcgagc acgagtgttg gggacgacgg acccactctg gccacacggc 480
     gaccgaggga cagatgggc cctgcgtccc ataggctgcc tgaaggtggg tagggcgcct 540
     gcggcatagt ggggtggctg tgggctccca gcctggcccc tgggaaccgt gggagcacag 600
     ggacaagcac atggctatgg aatgcagggt gacccaagga caagcgagtt gcggggatct 660
     ctactgtgac catgcagaat tgatcgcagt ctctgcgcca ccaccacctc atgttcccga 720
     ggggaacage tgggctggcg actggcatec aggccgtaac tgcaaatcta tgctaggcgg 780
15
     ggtctccctt ctgtgtgttc aagtgttctc gacttggatt cttaactatt ttaaaaaatg 840
     cactgagttt gggttaaaaa ccaaccacca aaatggattt caacacagct ctaaagccaa 900
     gggcgtggcc ggctctccca acacagcgac tcctggaggc caggtgccca tgggcctaca 960
     teceetetea geactgaaca gtgagttgat ttttettttt acaataaaaa aagetgagta1020
20
     atattgcata ggagtaccag aaactgcctc attggaaaca aaaactattt acattaaata1080
     aaaagcctgg ccgcaggctg cgtctgccac atttacagca cggtgcgatg cacacggtgal140
     ccaaaccacg gaggcagett ctggcactca caccacgage cgcacgtttg ccacatgaga1200
     gtaaagcaga gggcaagagg agtgagaggg aggggggtcg cgttcacttc tggttccggal260
     getgattgga cagecagtee agteetteat agagecegte geegetggtg gegeaggtgg1320
25
     ectgaatgta ccagtteetg tggegtagtg agtgeageec cagettgtet gtgatetegg1380
     cogcattcat ggcgttgggg aggtcctgct tgttggcgaa caccaggagg acagcatccc1440
     ggagetegte eteggeeage atecteatga getecteacg ggeetegtte acaegetete1500
     tgtcattgct gtccaccacg aagatcaggc cttgtgtgtt ctggaagtag tggcgccacal560
     ggggccggat cttgtcctgg ccacccacgt cccacacagt gaagctgatg ttcttgtact1620
30
     ccacggtttc cacgttgaag cctatggtgg gaatggtggt cacgatctca cccagcttaa1680
     gcttgtagag gatcgtggtc ttccctgcag catccaggcc caccatgagg atgcgcattt1740
     cttttttgcc aaaaaggccc ttgaagaggt tggcgaagat gttccccatg cttgtggaca1800
     ggtggaagga cactggccag ggacacctca gaggctgctg ctccgagcca ggcgttggtt1860
     ttgctcccac aagatggcgg ctctgacggc ggccacgtca gcgcctccgg gcgcggggcal920
35
     cgccgggtaa g
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1464 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

40

```
ggggcgcatg gacccccact cgcctccatc ttgctgctgc tgcttcggcc gctcttttag
 5
      coctogogo cocogogtt ggctgcggga gagcccgcgt cocactoccg tgctcgcctc 120
      gaccccgcgc cgggcacctg tggcttggga cagatagaag ggatggttgg ggatacttcc 180
      caaaactttt tccaagtcaa cttggtgtag ccggttcccc ggccacgact ctgggcactt 240
      coccigaage tectotoogg agettgaett ettggaeete eteccoegee ecaattecaa 300
      gctccagaaa ctcccaactc gtctgccgtc cagaaagcta gctgcagtgt tcaggacgtc 360
10
      cgggaggaag caagcatgtg ggggacagaa cagtagtcct ggactcgaaa gggaaggtgc 420
      tgaccagtgg ggccttagca atttgaaggg ttgggaagga ggaattatat ttgcaaaggg 480
      gctgtctatt agcatatttc ctttgagggg gcaaaaaaaa gtgccagtat cgacttttac 540
     agattgtggc cagtgaggat attataatcc tatgtaaaca gaaaagtccc acttaccgat 600
     tcattctttc actgtttgta tctgcgccca gaattctcag tgacgtgggg gtgagggtgg 660
15
     gtggcgattg ccttagaggg aacccctaaa ttggttttgg ataagtttga gcccttgacc 720
     ttaatttcat tgctaccact ctgatctctt agcacatttc ttaggattaa gggtccaaaa 780
     atgctgatct aaggggttgc catggtgttg aacaatgcaa ctttttattt aaaaaagctc 840
     tgcactgcca tgtatgaaag tctctttatg atgtttgttt ttttgtcatt tttgttcttt 900
     acatcaagaa attttatgtt taaatatgcg gagaatgtat attgcctctg ctcctatcag 960
20
     ggttgctaaa ccctggtaca tcgtatataa aatgtattaa aactggggtt tgttaccagt1020
     tgctgtactt tgtatataga atttttataa attgtatgct tcagaaataa tttattttta1080
     aaaagaaatt aaaagtttta aactcacatc catattacac ctttcccccc tgaaatgtat1140
     agaatccatt tgtcatcagg aatcaaaacc cacagtccat tgtgaagtgt gctatatttal200
     gaacagtett aaaatgtaca gtgtatttta tagaattgaa gttaacatte ttatttcaal260
25
     gagaatttat ggacgttgta gaaatgtaca aatgcatttc caaactgcct taaacgttgt1320
     atttttatag acatgttttt taaaaatcct aagtttttaa ataactatgg atttgtgtat1380
     tttttttggt tatttgtttt attaaaacat gtacatcagt aaagagtttt aaacaatgaal440
     aaaaaaaaa aaaatttcca aaaa
```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2103 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 45 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28
- gcggccgcgg ccacgaatcg agcagtgacc gtgctcctac ccagctctgc ttcacagcgc 60 ccacctgtct ccgccctcg gccctcgcc cggctttgcc taaccgccac gatgatgttc 120 tcgggcttca acgcagacta cgaggcgtca tcctcccgct gcagcagcgc gtccccggcc 180

35

40

```
gggaatagee tetettaeta ceaeteacee geagaeteet tetecageat gggetegeet 240
     gtcaacgcgc aggacttctg cacggacctg gccgtctcca gtgccaactt cattcccacg 300
     gtcactgcca tctcgaccag tccggacctg cagtggctgg tgcagcccgc cctcgtctcc 360
     tetgtggeee categeagae cagageeest caccettteg gagteeeege eeesteeget 420
     ggggcttact ccagggctgg cgttgtgaag accatgacag gaggccgagc gcagagcatt 480
     ggcaggaggg gcaaggtgga acagttatct ccagaagaag aagagaaaag gagaatccga 540
     agggaaagga ataagatggc tgcagccaaa tgccgcaacc ggaggaggga gctgactgat 600
     acactccaag cggagacaga ccaactagaa gatgagaagt ctgctttgca gaccgagatt 660
     gccaacctgc tgaaggagaa ggaaaaacta gagttcatcc tggcagctca ccgacctgcc 720
10
     tgcaagatee etgatgaeet gggetteeea gaagagatgt etgtggette eettgatetg 780
     actgggggcc tgccagaggt tgccaccccg gagtctgagg aggccttcac cctgcctctc 840
     ctcaatgace ctgageecaa geeeteagtg gaacetgtea agageateag cageatggag 900
     ctgaagaccg agccetttga tgactteetg tteecageat catecaggee cagtggetet 960
     gagacagece geteegtgee agacatggae etatetgggt cettetatge ageagactgg1020.
15
     gagectetge acagtggete cetggggatg gggeceatgg ceacagaget ggagecetg1080.
     tgcactccgg tggtcacctg tactcccagc tgcactgctt acacgtcttc cttcgtcttcl140
     acctaccccg aggetgacte ettecccage tgtgcagetg eccaeegeaa gggcageage1200
     agcaatgage etteetetga etegeteage teacceaege tgetggeeet gtgaggggge1260
     aqqgaaqqgg aggcagccgg cacccacaag tgccactgcc cgagctggtg cattacagag1320
     aggagaaaca catcttccct agagggttcc tgtagaccta gggaggacct tatctgtgcg1380
20
     tgaaacacac caggctgtgg gcctcaagga cttgaaagca tccatgtgtg gactcaagtc1440
     cttacctctt ccggagatgt agcaaaacgc atggagtgtg tattgttccc agtgacactt1500
     cagagagetg gtagttagta geatgttgag eeaggeetgg gtetgtgtet ettttetett1560
     teteettagt etteteatag eattaactaa tetattgggt teattattgg aattaacetg1620
     gtgctggata ttttcaaatt gtatctagtg cagctgattt taacaataac tactgtgttc1680
25
     ctggcaatag tgtgttctga ttagaaatga ccaatattat actaagaaaa gatacgactt1740
     tattttctgg tagatagaaa taaatagcta tatccatgta ctgtagtttt tcttcaacat1800
     caatgttcat tgtaatgtta ctgatcatgc attgttgagg tggtctgaat gttctgacat1860
     taacagtttt ccatgaaaac gttttattgt gtttttaatt tatttattaa gatggattct1920
     cagatattta tatttttatt ttatttttt ctaccttgag gtcttttgac atgtggaaag1980
     tgaatttgaa tgaaaaattt aagcattgtt tgcttattgt tccaagacat tgtcaataaa2040
     agcatttaag ttgaatgcga aaaaaaaaaa aaaaaaaaaga gggggaagca tgggggggtc2100
```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 975 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 50 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

55

40

```
caccegggag ceceaggata ggtaceacta cetgegegte aaggtgeece aeegggggge 60
      tgcacttett cgtteecaag teccegcate gteegcaget tgatgcactt etetecgtac120
     gagcccctga gacttccacg ccatgttcca gcccttcctt gagatgatac acgaggctcal80
 5
     geaggecatg gacatecaet tecacagece ggeettecag caceegecaa cagaatteat240
     acgagaagge gacgatgace ggactgtgtg cegggagate egecacaact ceaegggetg300
     cctgcggatg aaggaccagt gtgacaagtg ccgggagatc ttgtctgtgg actgttccac360
     caacaacccc teccaggeta agetgeggeg ggagetegae gaatecetee aggtegetga420
     gaggttgacc aggaaataca acgagctgct aaagtcctac cagtggaaga tgctcaacac480
     ctcctccttg ctggagcagc tgaacgagca gtttaactgg gtgtcccgaa tggcaaacct540
10
     cacgcaaggc gaagaccagt actatetgeg ggtcaccacg gtggcttecc acacttetaa600
     ctoggacgtt cottocggtg toactgaggt ggtogtaaag ctotttaact ctaatoccat660
     cactgtaacg gtccctgtag aagtctccag gaagaaccct aaattgatgg agaccgtggc720
     ggagaaagcg ctgcaggaat accgcaaaaa gcaccgggag gagtgagatg tggatgttgc780
     ttttgcacct acgggggcat ctaagtccag ctcccccaa gatgagctgc agcccccag840
15
     agagagetet geaegteace aagtaaceag geeceageet ecaggeeece aacteegeee900
     agectetece egetetggat cetgeactet aacactegae tetgetgete atgggaattg960
     ctcctgcatg caact
```

- 20 (2) INFÖRMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 3061 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 35 (vi) HERKUNFT:

30

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```
acggggatet caacggaaac tecagttete teaaggatet eetgeaatae ttegaggega
     acctgaaaag ttaggtcagg cgttgactga agtctatgcc aaggccaata gcttcaccgt 120
45
     ctectetgte geogeeett cetggettea eegttteate attggeaaga aagggeagaa 180
     cctggccaaa atcactcagc agatgccaaa ggttcacatc gagttcacag agggcgaaga 240
     caagatcacc ctggagggcc ctacagagga tgtcaatgtg gcccaggaac agatagaagg 300
     catggtcaaa gatttgatta accggatgga ctatgtggag atcaacatcg accacaagtt 360
     ccacaggcac ctcattggga agagcggtgc caacataaac agaatcaaag accagtacaa 420
50
     ggtgtccgtg cgcatccctc ctgacagtga gaagagcaat ttgatccgca tcgaggggga 480
     cccacaggge gtgcagcagg ccaagcgaga gctgctggag cttgcatctc gcatggaaaa 540
     tgagcgtacc aaggatctaa tcattgagca aagatttcat cgcacaatca ttgggcagaa 600
     gggtgaacgg atccgtgaaa ttcgtgacaa attcccagag gtcatcatta actttccaga 660
55 -
     cccagcacaa aaaagtgaca ttgtccagct cagaggacct aagaatgagg tggaaaaatg 720
     cacaaaatac atgcagaaga tggtggcaga tctggtggaa aatagctatt caatttctgt 780
```

```
teegatette aaacagttte acaagaatat eattgggaaa ggaggegeaa acattaaaaa 840
     gattegtgaa gaaageaaca eeaaaatega eetteeagea gagaatagea atteagagae 900
     cattatcatc acaggcaagc gagccaactg cgaagtgccc ggagcaggat tctgtctatt 960
     cagaaagacc tggccaacat agccgaggta gaggtctcca tccctgccaa gctgcacaac1020
     teceteattg geaceaaggg cegtetgate egetecatea tggaggagtg eggeggggte1080
     cacattcact ttcccgtgga aggttcagga agcgacaccg ttgttatcag gggcccttccl140
     tcqgatqtqq agaaggccaa gaagcagctc ctqcatctqq cqqaqqaqaa gcaaaccaag1200
     agtttcactg ttgacatccg cgccaagcca gaataccaca aattcctcat cggcaagggg1260
     ggcggcaaaa ttcgcaaggt gcgcgacagc actggagcac gtgtcatctt ccctgcggct1320
10
     gaggacaagg accaggacct gatcaccatc attggaaagg aggacgccgt ccgagaggcal380
     cagaaggage tggaggcett gatecaaaac etggataatg tggtggaaga etceatgetg1440
     gtggacccca agcaccaccg ccacttcgtc atccgcagag gccaggtctt gcgggagatt1500
     gctgaagagt atggcggggt gatggtcagc ttcccacgct ctggcacaca gagcgacaaa1560
     gtcaccctca agggcgccaa ggactgtgtg gaggcagcca agaaacgcat tcaggagatc1620
15
     attgaggacc tggaagctca ggtgacatta gaatgtgcta taccccagaa attccatcga1680
     tetgtcatgg gccccaaagg ttccagaatc cagcagatta ctcgggattt cagtgttcaal740
     attaaattcc cagacagaga ggagaacgca gttcacagta cagagccagt tgtccaggag1800
     aatggggacg aagctgggga ggggagagag gctaaagatt gtgaccccgg ctctccaagg1860
     aggtgtgaca tcatcatcat ctctggccgg aaagaaaagt gtgaggctgc caaggaagct1920
20
     ctggaggcat tggttcctgt caccattgaa gtagaggtgc cctttgacct tcaccgttac1980
     gttattgggc agaaaggaag tgggatccgc aagatgatgg atgagtttga ggtgaacata2040
     catgtcccgg cacctgaget gcagtctgac atcatcgcca tcacgggcct cgctgcaaat2100
     ttggaccggg ccaaggctgg actgctggag cgtgtgaagg agctacaggc cgagcaggag2160
     gaccgggctt taaggagttt taagctgagt gtcactgtag accccaaata ccatcccaag2220
25
     attatcggga gaaagggggc agtaattacc caaatccggt tggagcatga cgtgaacatc2280
     cagtttcctg ataaggacga tgggaaccag ccccaggacc aaattaccat cacagggtac2340
     gaaaagaaca cagaagctgc cagggatgct atactgagaa ttgtgggtga acttgagcag2400
     atggtttctg aggacgtccc gctggaccac cgcgttcacg cccgcatcat tggtgcccgc2460
     ggcaaagcca ttcgcaaaat catggacgaa ttcaaggtgg acattcgctt cccacagagc2520
30
     ggagccccag accccaactg cgtcactgtg acggggctcc cagagaatgt ggaggaagcc2580
     atcgaccaca tectcaatet ggaggaggaa tacctagetg aegtggtgga cagtgaggeg2640
     ctgcaggtat acatgaaacc cccagcacac gaagaggcca aggcaccttc cagaggcttt2700
     gtqgtqcqgg acgcaccctg gaccgccagc agcagtgaga aggctcctga catgagcagc2760
     tetgaggaat tteccagett tggggeteag gtggeteeca agaeceteec ttggggeece2820
35
     aaacgataat gatcaaaaag aacagaaccc tctccagcct gctgacccaa acccaaccac2880
     acaatggttt gtctcaatct gacccagcgg ctggaccctc cgtaaattgt tgacgctctt2940
     cccccttccc gaggtccgca gggagcctag cgcctggctg tgtgtgcggc cgctcgagca3000
     tgcatctaga gggcccaatt cggcctatag tgagtcgtat tacaattcac tggccgtcga3060
40
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2592 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

45

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```
ccggggcccc agtgaggagc tgctgcggca gtgggagcag cggttgcagg agtcctqctc 60
     cgtgtgcctg gccgggctag atggcttccg ccggcagcag caggaggaca gggagcggct 120
     gcgagcgatg gagaagctgc tggccccgct ggaggagcgg caacggcacc tcgcagggct 180
     ggcggtgggc cgcagcgcct gcaggaatgc tgctctccag agctgggccg gcgactggca 240
10
     gagetggage geaggetgga tgtegtggee ggeteagtga eagtgetgag tgggeggega 300
     ggcacagage tgggaggage egeggggeag ggaggeeace eeceaggeta caceagettg 360
     gcctcccgcc tgtctcgcct ggaggaccgc ttcaactcca ccctgggccc ttcggaggag 420
     caggaggaga gctggcctgg ggctcctggg gggctgagcc actgqctqcc tqctqcccqq 480
15
     ggccgactag agcagttggg ggggctgctg gccaatgtga gcggggagct gggggggcgg 540
     ggggcccctg gggagcagga ctctcaagtc agcgagatcc tcagtgcctt ggagcgcagg 660
     gtgctggaca gtgaggggca gctgcggctg gtgggctccg gcctgcacac ggtggaagca 720
     gcgggggagg cccggcaggc cacgctggag ggattacaag aggttgtggg ccggctccag 780
20
     gatcgtgtgg atgcccagga tgagacagct gcagagttca cactacggct gaatctcact 840
     gcggcccggc taggccaact ggagggctg ctgcaggccc atggggatga gggctgtggg 900
     gcctgtggcg gagtccaaga ggaactaggc cgccttcggg atggtgtgga gcgctgctcc 960
     tgccccctgt tgcctcctcg gggtcctggg gctggtccag gtgttggggg cccaagccgt1020
     gggcccctgg acggcttcag cgtgtttggg ggcagctcag gctcagccct gcaggccctg1080
25
     caaggagagc tctctgaggt tattctcagc ttcagctccc tcaatgactc actgaatgagl140
     ctccagacca ctgtggaggg ccagggcgct gatctggctg acctgggggc aaccaaggac1200
     cgtatcattt ctgagattaa caggctgcag caggaggcca cagagcatgc tacagagagt1260
     gaagageget teegaggeet agaggaggga caageacagg eeggeeagtg eeecagettal320
     gaggggggat tgggccgtct tgagggtgtc tgtgaacggt tggacactgt ggctgggggal380
30
     ctgcagggcc tgcgcgaggg cctttccaga cacgtggctg ggctctgggc tgggctccgg1440
     gaaaccaaca ccaccagcca gatgcaggca gccctgctgg agaagctggt cgggggacag1500
     gegggeetgg geaggegget gggtgeeett aacageteee tgeageteet ggaggaeegt1560
     ctgcaccage teageetgaa ggaceteaet gggeetgeag gagaggetgg geececaggg1620
     ceteetggge tgcagggace eccaggeet getggacete caggateace aggeaaggac1680
35
     gggcaagagg gccccatcgg gccaccaggt cctcaaggtg aacagggagt ggaggggca1740
     ccagcagccc ctgtgcccca agtggcattt tcagctgctc tgagtttgcc ccggtctgaa1800
     ccaggcacgg tccccttcga cagagtcctg ctcaatgatg gaggctatta tgatccagag1860
     acaggcgtgt tcacagcgcc actggctgga cgctacttgc tgagcgcggt gctgactggg1920
     caccggcacg agaaagtgga ggccgtgctg tcccgctcca accagggcgt ggcccgcgta1980
40
     gactccggtg gctacgagcc tgagggcctg gagaataagc cggtggccga gagccagccc2040
     agcccgggca ccctgggcgt cttcagcctc atcctgccgc tgcaggccgg ggacacggtc2100
     tgcgtcgacc tggtcatggg gcagctggcg cactcggagg agccgctcac catcttcagc2160
     ggggccctgc tctatgggga cccagagett gaacacgegt agactggggt cccgcccgac2220
     gtgtctacgt cggctgaaga gacagcgggg gcggcgggct cctggggtct cgcctgagac2280
45
     ggggcaccta gccctgggcg agcgccgcac ccgggcccgc agcggcaccg cgcccagagc2340
     ggcctctccc cacgcccggg gcgcgccggc tcagggaggc tcggggccgc ccatgcagac2400
     ttttggcctg gcgcgatccc ccaagaaccc ctccagggcc ggcctgcgga ggagccgatc2460
     etegeaceet eegeteeste eactggeest ceaggtegat teestggget ceaggetees2520
     ccgcgcgggc gccgcccacc gccatactaa acgatcgagg aataaagaca cttggttttt2580
50
     ctaaaaaaaa ct
                                                                     2592
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 884 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 10 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

```
ttttttttt tttttttt tttttttt ttgggtgggg gatcacattt attgtattga 60
     ggtcacaggt caagtcattc actagtcccc actaggaggg gtggcaggga cagggctggg120
     ggtggtgggg cgagtcacca aggtgggggg cccagggagg gcaagctcct ttacccatct180
     ttgaaggetg ttggggeetg ggaatgtgga eeageeeege etgggeeeea gageagggea240
20
     cgaagcccca caaaggtcct gccgccacag aggagggcaa cagagccaca ggcaggccca300
     gaggggggggg tggacggcac tgcaggggct ggcttcatgc cttcttgagg ttctctgcgc360
     ccatccaget agagetegte atggtegtet teggtgggtg etteaggegg tggeteeggg420
     caggeggetg gegteateag etecatgagg tactegeage gactgggete tgtggtgetg480
     gtcaccatgg tetetttece gcacaggagg egcacggtgg tggageggtt ggggeectgc540
25
     cagcageceg tgeettgete atactteatg geactgaact tgtegtggte ggggeeaate600
     catgagecee aggtgecaag getggtggga gageeeega gtttgggttt etgegagaea660
     agcttgaagg ggcagaggcg gtagacgtat tcgttggtgg tgagctcgta gcactggctg720
     tacaggtaag caaactcccc gttggggcca aagtcaaaag aaatctcttg ctccaggttc780
     ctgatggact cctccatgtc cttcagcgac cgctcggcct cctcgaactt gttgcgggcc840
30
     tectgggeag etgggagagg ggttggaggt cagetegage eggg
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:
- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 493 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 50 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

```
ttctagatcg cgagcgccg ctcggatcta gaactaggca agatggcaga agtagagcag 60
aagaagaagc ggaccttccg caagttcacc taccgcggcg tggacctcga ccagctgctg120
gacatgtcct acgagcagct gatgcagctg tacagtgcgc gccagggcgg cggctgaacc180
ggggcctgcg gcggaagcag cactccctgc tgaagcgcct gcgcaaggcc aagaaggagg240
cgccgccat ggagaagccg gaagtggtga agacgcacct gcgggacatg atcatcctac300
ccgagatggt gggcagcatg gtgggcgtct acaacggcaa gaccttgaac caggtggaga360
tcaagcccga gatgatcggg cactaactgg gcgagttctc catcaactac aagcccgtaa420
agcatggccg ggccggcatt ggggccaccc acttctgccg gttgatccct gtgaagtaat480
gggttagtaa ttt
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 913 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```
gttccgcaat tgttcgggcc aaaagtctgg gaacccaccg ccaaggcctg tgctcgaacc 60
     gaaggcactt ccaaccaacc aaccgtgttc aaacttcccc cgtctcccca tccctgtccc120
     actoccacga acagtgcgct gaagcctacc ttcaagagcc cccattacga cctctcccag180
40
     ctgctgaaag gccacgggag gtgaggctct tcacatccca ttgggactcc atgctccttq240
     agaggagaaa tgcaataact ctgggagggg ctcgagaggg ctggtcctta tttatttaac300
     ttcacccgag ttcctctggg tttctaagca gttatggtga tgacttagcg tcaagacatt360
     tgctgaactc agcacattcg ggaccaatat atagtgggta catcaagtcc atctgacaaa420
     atggggcaga agagaaagga ctcagtgtgt gatccggttt ctttttgctc gcccctgttt480
45
     tttgtagaat ctcttcatgc ttgacatacc taccagtatt attcccgacg acacatatac540
     atatgagaat ataccttatt tatttttgtg taggtgtctg ccttcacaaa tgtcattgtc600
     tatatcttaa gcaggtttgt tttcagcact gatggaaaat accagtgttg ggtttttttt720
     tagttgccaa cagttgtatg tttgctgatt atttatgacc tgaaataata tatttcttct780
50
     tctaagaaga cattttgtta cataaggatg acttttttat acaatggaat aaattatggc840
     gggggggggc ggt
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

15

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1917 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```
agettgagea geagetgage geeaaaaaea geacaeteaa acaaetggaa gaaaaaetea 60
     aaggccaggc tgactatgaa gaggtgaaga aagagctgaa cattctgaag tccatggagt 120
     ttgcaccatc cgagggcgct gggacacagg atgcggccaa gcccctggag gtgctgttgc 180
25
     tggagaagaa ccgctcgctg cagtccgaga acgccgcgct gcgcatctcc aacagcgacc 240
     tgagcggacg ctgtgcggag ctgcaagtcc gtatcactga ggctgtggcc acagccactg 300
     agcagagaga gctgatcgcc cgcctggagc aggacctgag catcattcag tccatccagc 360
     ggcccgatgc cgagggtgcc actgagcacc gcctggagaa gatcccagag cccatcaaag 420
     aggecactge ectattetae ggaeetgeag caccagecag eggtgeeete ecagagggee 480
30
     aggtggattc actgctttcc atcatctcca gccagaggga gcgcttccgt gcccggaacc 540
     aggagettga ggccgagaac egeetggeee ageacaceet ceaggeeetg cagagtgage 600
     tggacageet gegegeegae aacateaage tetttgagaa gateaagtte etgeagaget 660
     accetggeeg gggeagegge agtgatgaea eggagetgeg gtactegtee eagtacqaqq 720
35
     agegeetgga eccettetee teetteagea agegggageg geagaggaag tacetgaget 780
     tgagtccctg ggacaaggcc accetcagca tggggcgtct ggttctctcc aacaagatgg 840
     egegeaceat eggettette tacacactgt teetgeactg cetggtette etggtgetet 900
     acaagctggc atggagcgag agcatggaga gggactgtgc caccttctgc gccaagaagt 960
     tegetgaeca cetgeacaag ttecaegaga atgaeaaegg ggetgegget ggtgaettgt1020
40
     ggcagtgata ccccggggcc tcccccgtga cagtgacggc tgcgcctcca ccccgactgc1080
     teagtgeate taateaetta gaeteeeetg aagaateeee catggaaaet geeettatee1140
     gctgtccagc agctgccaga ggccccaggt cacctcgggt ccccttgaaa gaatgtctcg1200
     qtcacatcag gcccgctagg tccagagagc gagcccccaa tgcccggcca ggctaagccg1260
     cagagaccet etcageecee aceteaggtt agggetetge eegcageetg acetetagee1320
45
     ctggtggcag aggtccctca gctgcgaggc taattgggtg accaccgatt ccagctgcgg1380
     ttaatccage ttgggcctgt ctgcactgcg atcctcttgg gctctcctag gggccccccal440
     tgccccgtaa gaggtggaag acgcttcctt ccaggacagc aggctttgag tccagcaccc1500
     ccagcctgcc tttgccacca gccccaccct gcagagtata tgaggcttga cagagtctgc1560
     cccctcccc actgcacccc aagagagag gccccagcca gcggaacagt ttctattacc1620
50
     ccctccctgc ccccagaccc atgtgatttc tgctttcttc tttagcaaga tattctggtt1680
     tetagataag gaagagtete taatgageee eegageeeea gtetetteag acteatggat1740
     tggtctgagg ggtctgaacg tctcctagcc aatcagaact ggctqtqqac caccctagcal800
     cqqccacctc tcagggccac tggcaggcct tcctgagtta gatttgtagt tgcatattta1860
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 518 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

15

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```
ggccagcct ggggcgctt aaaaaccgga gctggcgctt ggcatcgcca ctctgggcag 60
gatccaacgt cgctccagct gctcttgacg actccacaga taccccgaag ccatggcaag120
caagggcttg caggacctga agcaacaggt ggaggggacc gcccaggaag ccgtgtcagc180
ggccggagcg gcagctcagc aagtggtgga ccaggccaca gaggcggggc agaaagccat240
ggaccagctg gccaagacca cccaggaaac catcgacaag actgctaacc aggcctctga300
caccttctct gggatcggga aaaaattcgg cctcctgaaa tgacagcagg gagacttggg360
tcggcctcct gaaatgatag cagggagact tgggtgaccc cccttccagg cgccatctag420
cacagcctgg ccctgatctc cgggcagcca ccacctcctc ggtctgccc ctcattaaaa480
ttcacgttcc caaaaaaaaa aaaaaaaaa aagttttg
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:
- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 634 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 50 **(C) ORGAN**:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```
ctcccgcgcg cgcggttaaa tccccgcacc tgagcatcgg ctcacacctg caccccgccc 60
gggcatagca ccatgcctgc ttgtcgccta ggcccgctag ccgccgcct cctcctcagc120
ctgctgctgt tccggctcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
cccgagctcc aggctgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgc240
gacaacctca agtgctgag cgcgggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
gagggttcct gccccaggt gaacattaac tttccccage tcggcctctg tcgggacag360
tgccaggtgg acagccagtg tcctggccag atgaaatgct gccgcaatgg ctgtgggaag420
gtgtcctgtg tcactccaa tttctgagct ccagccacc ccaggctgag cagtgaggag480
agaaagtttc tgcctggccc tgcatctggt tccagccac ctgccctcc ctttttcgg540
actctgtatt ccctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaaccaa taaagtaacc600
actttcagca aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaa 634
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 879 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

35

20

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```
40
     etggeceata aataggggte teeteagtge ecteegetee teetgeeace teectegete 60
     teccacacca etggeaccag geoceggaca ecegetetge tgcaggagaa tggetaetea120
     tcacacgctg tggatgggac tggccctgct gggggtgctg ggcgacctgc aggcagcacc180
     ggaggcccag gtctccgtgc agcccaactt ccagcaggac aagttcctgg ggcgctggtt240
     cagcgcgggc ctcgcctcca actcgagctg gctccgggag aagaaggcgg cgttgtccat300
     gtgcaagtct gtggtggccc ctgccacgga tggtggcctc aacctgacct ccaccttcct360
45
     caqgaaaaac cagtgtgaga cccgaaccat gctgctgcag cccgcggggt ccctcggctc420
     ctacagctac cggagtcccc actggggcag cacctactcc gtgtcagtgg tggagaccga480
     ctacgaccag tacgcgctgc tgtacagcca gggcagcaag ggccctggcg aggacttccg540
     catggccacc ctctacagcc gaacccagac ccccagggct gagttaaagg agaaattcac600
50
     cgccttctgc aaggcccagg gcttcacaga ggataccatt gtcttcctgc cccaaaccga660
     taagtgcatg acggaacaat aggactcccc agggctgaag ctgggatccc ggccagccag720
     gtgaccccca cgctctggat gtctctgctc tgttccttcc ccgagcccct gccccggctc780
     cccgccaaag cacccctgcc cactcgggct tcatcctgca caataaactc cggaagcaag840
     tcagtaaaaa aaaaaaaaag gggaaagagg ggtgaggga
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2015 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

5

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```
25
     ctgagccgcc tgatttattc cggtcccaga ggagaaggcg ccagaacccc gcggggtctg 60
     agcageceag egtgeecatt ecagegeeeg egteeeegea geatgeegeg ecceegeetg 120
     ctggccgcgc tgtgcggcgc gctgctctgc gccccagcc tcctcgtcgc cctggatatc 180
     tqttccaaaa acccctgcca caacggtggt ttatgcgagg agatttccca agaagtgcga 240
     ggagatgtct teceetegta caeetgeacg tgeettaagg getaegeggg caaeeactgt 300
30
     gagacgaaat gtgtcgagcc actgggcatg gagaatggga acattgccaa ctcacagatc 360
     gccgcctcat ctgtgcgtgt gaccttcttg ggtttgcagc attgggtccc ggagctggcc 420
     cgcctgaacc gcgcaggcat ggtcaatgcc tggacaccca gcagcaatga cgataacccc 480
     tggatccagg tgaacctgct gcggaggatg tgggtaacag gtgtggtgac gcagggtgcc 540
     agccgcttgg ccagtcatga gtacctgaag gccttcaagg tggcctacag ccttaatgga 600
     cacgaattcg atttcatcca tgatgttaat aaaaaacaca aggagtttgt gggtaactgg 660
35
     aacaaaaacg cggtgcatgt caacctgttt gagacccctg tggaggctca gtacgtgaga 720
     ttgtacccca cgagctgcca cacggcctgc actctgcgct ttgagctact gggctgtgag 780
     ctgaacggat gcgccaatcc cctgggcctg aagaataaca gcatccctga caagcagatc 840
     acggcctcca gcagctacaa gacctggggc ttgcatctct tcaqctggaa cccctcctat 900
40
     gcacggctgg acaagcaggg caacttcaac gcctgggttg cggggagcta cggtaacgat 960
     caqtggctgc aggtggacct gggctcctcg aaggaggtga caggcatcat cacccagggg1020
     gcccgtaact ttggctctgt ccagtttgtg gcatcctaca aggttgccta cagtaatgac1080
     aqtgcgaact ggactgagta ccaggacccc aggactggca gcagtaagat cttccctggc1140
     aactgggaca accactccca caagaagaac ttgtttgaga cgcccatcct ggctcgctat1200
     gtgcgcatcc tgcctgtagc ctggcacaac cgcatcgccc tgcgcctgga gctgctgggc1260
45
     tgttagtggc cacctgccac ccccaggtct tcctgctttc catgggcccg ctgcctcttg1320
     gcttctcagc ccctttaaat caccataggg ctggggactg gggaagggga gggtgttcag1380
     aggcagcacc accacagt cacccctcc tecetette ceacceteca ceteteacgg1440
     gccctgcccc agcccctaag ccccgtcccc taacccccag tcctcactgt cctgttttct1500
     taggcactga gggatctgag taggtctggg atggacagga aagggcaaag tagggcgtgt1560
50
     ggtttccctg cccctgtccg gaccgccgat cccaggtgcg tgtgtctctg tctctcctag1620
     cccctctctc acacatcaca ttcccatggt ggcctcaaga aaggcccgga agcgccaggc1680
     tggagataac agcctcttgc ccgtcggccc tgcgtcggcc ctggggtacc atgtggccac1740
     aactgctgtg gccccctgtc cccaagacac ttccccttgt ctccctqgtt gcctctcttq1800
55
     ccccttgtcc tgaagcccag cgacacagaa gggggtgggg cgggtctatg gggagaaagg1860
     gagcgaggtc agaggagggc atgggttggc agggtgggcg tttgqqqccc tctatgctgq1920
     cttttcaccc cagaggacac aggcagcttc caaaatatat ttatcttctt cacgggaaaa1980
```

aaaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaa

2015

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 732 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

10

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 20 **(C) ORGAN**:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```
aaaaaaaag aaaagccaag caaaccaatg gtgatcctct attttgtgat gatgctgtga 60 caataagttt gaaccttttt ttttgaaaca gcagtcccag tattctcaga gcatgtgtcal20 gagtgttgtt ccgttaacct tttttgtaaat actgcttgac cgtactctca catgtggcaal80 aatatggggt tttgaaagtg ttttttcttc gtccttttgg tttaaaaagt ttcacgtctt240 ggtgcctttt gtgtgatgcg ccttgctgat ggcttgacat gtgcaattgt gagggacatg300 ctcacctcta gccttaaggg gggcagggag tgatgattt ggggaggctt tgggagcaa360 ataaggaaga gggctgagct gagcttcggt tctccagaat gtaagaaaac aaaatctaaa420 acaaaatctg aactctcaaa agtctatttt tttaactgaa aatgtaaatt tataaatata480 tcacgagtt ggaatgttg tggttctatt ttactttgta cttgtgtttg cttaacaaa600 gtgactgttt ggcttataaa cacattgaat gcgctttatt gcccatggga tatgtggtg660 atacctcc aaaaaattaa aacgaaaata gcgctttatt gcccatggga aaaacccaag720 atagcccgtg
```

40

45

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 691 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

35

45

```
(iii) ANTI-SENSE: NEIN
```

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

```
attgcagctg caaggtactc tggtgagtca ccacttcagg gctttactcc gtaaacagat 60 tttgttggca ttgctctggg gtgggcagtt ttttgaaatg ggccaaccag aaaagcccaal20 gttcatgcag ctgtggcaga gttacagttc tgtggtttca tgttagttac cttatagttal80 ctgtgtaatt agtgccactt aatgtatgtt accaaaaata aatatatcta ccccagacta240 gtatttggaa ataaagtcag atggaaaatt catttttaa attcccgttt tgtcacttt360 tctgataaaa gatggccata ttaccccttt tcggccccat gtatccagt accccatgga420 gcgcaaccag gtaaatagga attggttca cgcctgaggc aattagacac tttggaagat480 ctcactgtat ccaggttcc tcccagagga gccaccagtt ctcattctct ccagctgact aaacttttt tctgtaccag ttaattttc caactacta600 tagaaataag gcagtttct aaacttcctg t
```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 579 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 40 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```
gtcagatgag ctgattgggc agaaagtggc ccatgctctg gcagagggac tcgggagtaa 60
tgggcctgca attgggggg aggtttggtt ggaagggagg ttggatgact gagaaggttg120
ttttcgagca gacaaaggtc atcgcagata acgtgaagga ctggagcaag gtcgtcctgg180
cctatgagcc tgtgtgggcc attggtactg gcaagactgc aacaccccaa caggcccagg240
aagtacacga gaagctccga ggatggctga agtccaacgt ctctgatgcg gtggctcaga300
gcacccgtat catttatgga ggctctgtga ctgggcaac ctgcaaggag ctggccagcc360
```

```
agcctgatgt ggatggcttc cttgtgggtg gtgcttccct caagcccgaa ttcgtggaca420 tcatcaatgc caaacaatga gccccatcca tcttgcctac ccttcctgcc agggcaggga480 ctaagcaggc gagaagccca gtaactgcct tttccctgca tatgcttctt gattggtgtg540 atgtgatgtc tttctgtggg cttaatgcaa agttgtatc 579
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 968 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

15

5

10

10

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```
eccaecetee etaattteea etecceecae eccaettege etgeegeggt egggteegeg 60
30
     gtcctggtcc ccgtccagcc gctgacgtga agatgagcag ctcagaggag gtgtcctggal80
     tttcctggtt ctgtgggctc cgtggcaatg aattcttctg tgaagtggat gaagactaca240
     tocaggacaa atttaatott actggactca atgagcaggt coctcactat cgacaagctc300
     tagacatgat cttggacctg gagcctgatg aagaactgga agacaacccc aaccagagtg360
35
     acctgattga gcaggcagcc gagatgcttt atggattgat ccacgcccgc tacatcctta420
     ccaaccgtgg catcgcccag atgttggaaa agtaccagca aggagacttt ggttactgtc480
     ctcgtgtgta ctgtgagaac cagccaatgc ttcccattgg cctttcagac atcccaggtg540
     aagccatggt gaagctctac tgccccaagt gcatggatgt gtacacaccc aagtcatcaa600
     gacaccatca cacggatggc gcctacttcg gcactggttt ccctcacatg ctcttcatgg660
     tgcatcccga gtaccggccc aagagacctg ccaaccagtt tgtgcccagg ctctacggtt720
     tcaagatcca tccgatggcc taccagctgc agctccaagc cgccagcaac ttcaagagcc780
     cagtcaagac gattcgctga ttccctcccc cacctgtcct gcagtctttg acttttcctt840
     tcttttttgc caccctttca ggaaccctgt atggttttta gtttaaatta aaggagtcgt900
45
     tatcgtggtg ggaatatgaa ataaagtaga agaaaaggcc aagaaaaaaa aaaaaaaaa960
     aaaaaaa
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1175 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

55

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 10 **(C) ORGAN**:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```
gccccgcccg cgtcagtctg cgcggtgatt cactccctcc ttcgccccgg ggcccccttc 60
     ccggccagac ggcgggcaag acagctgggt gtacagcgtc ctcgaaacca cgagcaagtg 120
     agcagatect ecgaggeace agggaeteca geceatgeea tggeggatte tgagegeete 180
20
     teggeteetg getgetggge egeetgeace aacttetege geactegaaa gggaateete 240
     ctgtttgctg agattatatt atgcctggtg atcctgatct gcttcagtgc ctccacacca 300
     ggetacteet eeetgteggt gattgagatg atcettgetg etattteett tgttgtetae 360
     atgtgtgacc tgcacaccaa gataccattc atcaactggc cctggagtga tttcttccga 420
     acceteatag eggeaateet etacetgate acctecattg ttgteettgt tgagagagga 480
25
     aaccactcca aaatcgtcgc aggggtactg ggcctaatcg ctacgtgcct ctttggctat 540
     gatgcctatg teacetteec egtteggeag ceaagacata cageageece caetgaeece 600
     gcagatggcc cggtgtaggc gaacttccct catttctctc tgcaatctgc aaataactcc 660
     tocattgaaa taactcctcc ccaccccaac aacaacattc ccagcagacc aactcccacc 720
     ccctctttga ggtaaaagtg cctttattgg gagacttttg tcttccagcc tgccaatcaa 780
    · ccctcctggg tgtggccacc atatgtgtgt gcctaggtcc tccttctgca cgatccaata 840
     ggagacacca gttctgactg aaccatgccc ccacctaagt cacaaaatga gggaagtggg 900
     gagttagatt tcagagtcca ggccctaggt tgggacccac tccaaataat ctcctcggtg 960
     tgggtggtgg ttctatagag ggataaatga ataataaaca ttgttaaaat atacgataat1020
     gaataaagta atcetttcat caaatgtggg taaatttcaa gcatcaggag ggggaaatgg1080
     agtggaaaca gctggggcaa ggaggcaaag aagccaggcc tgttttacaa caaatattaal140
     ttacttcaat aatgcaaacg agaggcccgg tgcgg
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 851 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
- 55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

30

35

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```
acctgcacca ggagacactg ggaggtttag tccccaaacc cgcacagagc aggactgcag 60
     cctgaggaaa gagcaaggat ttcaggagag aggcctgcga caagtgagca ggaaatagaal20
10
     acttaagaga aatacacact tcgagaaact gaaacgacag gggaaaggag gtctcactgal80
     qcaccgtccc agcatccgga caccacagcg gcccttcgct ccacgcagaa aaccacactt240
     ctcaaacctt cactcaacac ttccttcccc aaagccagaa gatgcacaag gaggaacatg300
     aggtggctgt gctgggggca cccccagca ccatccttcc aaggtccacc gtgatcaaca360
     tecacagega gaceteegtg ecegaceatg tegtetggte ectgtteaac accetettet420
     tgaactggtg ctgtctgggc ttcatagcat tcgcctactc cgtgaagtct agggacagga480
15
     agatggttgg cgacgtgacc ggggcccagg cctatgcctc caccgccaag tgcctgaaca540
     totgggccct gattctgggc atcctcatga ccattggatt catcctgtta ctggtattcg600
     getetgtgae agtetaceat attatgttae agataataca ggaaaaaegg ggttactagt660
     ageegeecat ageetgeaac etttgeacte caetgtgeaa tgetggeect geaegetggg720
     getgttgeec etgeeceett ggteetgeec etagatacag cagtttatac ecacaceet780
20
     gtctacagtg tcattcaata aagtgcacgt gcttgtgaaa aaaaaaaaa aaggagggg840
     ggaaaaaggg g
```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1049 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```
ctcgagccgt tttttttt tattggtatt tgaatacatt tattgtgaca agaatgctgt 60
tataaatatt cataagcaaa ggccatcttt ttatctagga attgtcaaag agaagattcc 120
aaattggaag gatacatctt ttgtaaaatc tgccaccaat tcctgctttg agaataagca 180
cctattgtaa aatttctact aacattataa atggtcacag cacatgccac ttgatacaat 240
ccaaactttg aaatgttga cttctcagtg ggctgtcct ctccactgca accccccttc 300
ctccagcctc ctgaaacatc gcactatcct ttggtaagca attccatata gatagctggg 360
ggaggaggag tataacctga ccatagcatc aggtacatca ggtacattta tttctaaagt 420
```

```
ctaatagaga acagtttta ctgcttaata gtaagaagca ctgagagtga ttttaatcga 480
cattcttaac tctttcaact ccacctagat agctagtat tacagatgat gcagaaaaga 540
ggttagggga gtactttcca atagttatt gtatttctt aaatatcctt tctggaattt 600
tcagaaacaa aacataaaaa aattaatac tttattacaa atggtaaact cagagtgctc 660
caaatctctt atttacaac aacactgggc aggataccca aacaaacaaa caaataactt 720
acaaaggcat gaagctgttt attgacagta atcagctttc atcaaattaa aaaatatata 780
tatgtacata cacagttaac gaaggcaggc cagaaagagt tcatctgtag gctcagcctc 840
gctctcacaa acctccctcc tgccgccct ccccaaccct cccccgctt tgtgttctta 900
aggagtacta cagaagcaat ctacagtctc tattgcagtt tgtaacccc tcccccccc 960
ccctttaata ctgaatgaga tcgaatgtta ggtccatgca gttcttggtc aatgttaacgl020
aaaaggtcca acgttccgtt cgcgcggg
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1375 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

20

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48

```
aatacaactg ccttgtcccc atcctctact tcgccatcta gaaagcccgc ctcataagtg 60
     aacgcttgac ttctcaaaca gttaacctct aatgggactt gccttctgat tctcattcag 120
     getteteacg geatteagea geagegttge tgtaaccgae aaagacaeet tegaattaag 180
40
     cacatteete gatteeagea aageacegea acatgaeega aatgagette etgageageg 240
     aggtgttggt gggggacttg atgtccccct tcgaccagtc gggtttgggg qctgaaqaaa 300
     gcctaggtct cttagatgat tacctggagg tggccaagca cttcaaacct catgggttct 360
     ccagcgacaa ggctaaggcg ggctcctccg aatggctggc tgtggatggg ttggtcagtc 420
     cctccaacaa cagcaaggag gatgccttct ccgggacaga ttggatgttg gagaaaatgg 480
     atttgaagga gttcgacttg gatgccctgt tgggtataga tgacctggaa accatgccag 540
45
     atgacettet gaccaegttg gatgacaett gtgatetett tgeeceecta gtecaggaga 600
     ctaataagca gccccccag acggtgaacc caattggcca tctcccagaa agtttaacaa 660
     aacccgacca ggttgccccc ttcaccttct tacaacctct tcccctttcc ccaggggtcc 720
     tgtcctccac tccagatcat tcctttagtt tagagctggg cagtgaagtg gatatcactg 780
50
     aaggagatag gaagccagac tacactgctt acgttgccat gatccctcag tgcataaagg 840
     aggaagacac cccttcagat aatgatagtg gcatctgtat gagcccagag tcctatctgg 900
     ggtctcctca gcacagcccc tctaccaggg gctctccaaa taggagcctc ccatctccag 960
     gtgttctctg tgggtctgcc cgtcccaaac cttacgatcc tcctggagag aagatggtag1020
     cagcaaaagt aaagggtgag aaactggata agaagctgaa aaaaatggag caaaacaaga1080
55
     cagcagccac taggtaccgc cagaagaaga gggcggagca ggaggctctt actggtgagt1140
     gcaaagagct ggaaaagaag aacgaggctc taaaagagag ggcggattcc ctggccaagg1200
     agatccagta cctgaaagat ttgatagaag aggtccgcaa ggcaaggggg aagaaaaggg1260
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

5

10

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2443 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```
ttttttttt tttttttt tttattttt ttttttatga atggaagcaa aactttattc 60
     ctcttggctg gagaagagaa ctagtgggtg gttgtgtaca ggacccccat ccctcacccc 120
30
     teccagaace aaagaagaea ageagegeea eeaaatgget eeetetgeee aagtgaaage 180
     cgagaggtca gcggctggct ggggaggcag gtgagcgcag cacggcacag ggcagggggg 240
     getgeagtga caggegggeg gecagggegg eetgggeegg ggttgagggg aagagggegg 300
     ggctgcttgg gtagcgggc aggcttgggg gctgccggct ggcacgggcc ccagactcag 360
     ggcaccacaa cgcggtaggg gctgcctggg atgtgctcgt ccccccattt gaccaccagt 420
35
     gtgtactccc ccttgtcctt gagcaggtag gacacgctgt agagccggct gcccacgtgc 480
     ttcaccagga tetectegea gggggteett gggecatgaa eecceaccag cageatgttg 540
     ttgcctgctt tgctgcagtc tactgtgaag ctgctcttct ggcctacgta ggccttgctc 600
     agececagge cettggecae cacettgetg gegteageag geceaggace eggggeceea 660
     tgctgggggg cacaggtggc cttggtcaga gagtctacaa acactgatga tgtctcgtgg 720
     aggetgtggt tgetgaegag aegggggeet gtgaetttgg eettgaaggg getgeecea 780
40
     atgtggtagg ggccgccgta cttgatggag atgaggtagc tgccaggtgc catgggggta 840
     taggtgacgc ggtagccctc agggcactcc tggcaatcca tcttcacctt ggaggggccg 900
     tcaatggtca ccgacagggc accagctccc gcattgctcg tgttcacgac gaactcagct 960
     gggttccctg tgacaccgcc ttccagacct gctccgtaag cagacaccaa gcctgggtcc1020
45
     cetecatgee caggeteece aacteggate ttgaagggge ttecagggat gtgggtgeeg1080
     ttgaacttga cgtcaatcag gtaaacgcca ttctcccgag ggatgaagcg cacagcatac1140
     ttatcttggt caatttctgt gacatagcac tcctccaggg ctcctgaggg gctgtgcacc1200
     ttggcatcga tcgcccctt ggccccgttc aggctgactg caaaagaggc tggctggttg1260
     acctttagcc ctgactcctg aaggctagaa acagtgaggc ggcgggcgtc gccagacggal320
     gaagccacag gcaccacgaa ggggctgtcg ggaatgtgtt cctcgttgaa cttgactgag1380
     acttcqtagt cacctggctc ctggaccaca taagccacac cacaggagcc gtccttgcgg1440
     tectcaaaag agateteage ettgetgggg eeetegacag caatggeeag geetecagea1500
     ccagcttccc gggtccagat actgaattcg gctggcactc caqcttcagc tctctccagq1560
     ccaqqqcccc cagctcggac cttqtqqqct ccccttccc ctaqqqqccc cacqqtgaac1620
55
     tggaaggggc tcccaggcac gtgctggccc ttgtacttca cgctgactgt gtgtgtgccc1680
     atctcagcgg gaacaaagcg gatgcagtag gtgtggttct ccccttccac gatctcggcc1740
     tcatgggtct tgcccgatgg gctggtcacc tgggctgtca tatcctggat gctaatttcal800
```

```
gggattttca ggctgaggtc acaatgacta ccaacgttgg ccactgaagg agcccgacgc1860 ctgcgggtga tgctcttt cacceggcc tcgcctgtca ccttcacaga gaaggggctg1920 ccaggcacgt gctggtcggc aaacttgatg ttgatgatgt agttgcctgg ctctgtgggg1980 cagtaggtga ccctgcacgt cccgtcctc aggtcctctg tgttgatgtc caccttgctg2040 gggccctcaa tggacaggct gagcccacca tagcctgcat cgcgggtatc aatgataaac2100 tctgcaggct caaaggtgtg gccttcgtga aggccctgac cagagacccg aacacgactg2160 gcatcccaa tttccgactg gctgatcacc accgggatgg ggctgctgc cacgtgctgg2220 ccattttct tcacatgcac caggtgctcc cccgtcctc tgggcacgaa tgaaatcccc2280 acgtggccat tacgcagcc cttcagcaaa cagggctcct cccggcccga gggcgggacc2340 acagtggccg tcagcaggc gagatccgtc tctgagatgt tgatggggat gtcggcagca2400 gagccgacct ttaggtgga catacgcat gagtcctcac ctg
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2693 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 30 (C) ORGAN:

20

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```
gactacgtgg agcccagcca gaacaccatc tccctgaaga tgatcccacg catcgactac 60
     gatcgcagca aggcccgcat gagcttgaaa gactggtttg ccaaaaggaa gaagtttaag 120
     cggcctccac agaggctgtt tgatgctgag aagatcaggt ccctgggggg tgatgttgcc 180
40
     totgatggtg acttoctoat otttgagggg aacogttaca googgaaggg otttotgtto 240
     aagagetteg ceatgtetge tgtgateaeg gagggtgtga agecaaeaet etetgagetg 300
     gaaaagtttg aggaccagcc agagggcatt gacctggagg tggtgactga gagcacaggg 360
     aaggagcggg agcacaactt ccaacctggg gacaacgtgg aggtctgtga gggtgagctc 420
     atcaacctgc agggcaagat cctcagcgtg gatggcaaca agatcaccat catgcccaag 480
45
     catgaggacc tcaaggacat gttggagttc ccagcccagg aacttagaaa atacttcaag 540
     atgggggacc acgtgaaggt gattgctggc cgattcgagg gcgacacagg cctcattgtg 600
     cqqqtggagg agaatttcgt tatcctgttc tctgacctca ccatgcatga gctgaaggtg 660
     ctccccggg acctgcagct ctgctcagag acagcatcag gtgtggatgt tgggggccag 720
     catqaatggg gcgagctggt gcagctggat ccccagactg tggqtqtcat cqtqcqacta 780
50
     qaacgggaga ccttccaggt gctgaacatg tacgggaagg tggtgactgt caqacatcaq 840
     qctqtqaccc qqaaqaaqqa caaccqcttt qctqtqqcct tqqactcaqa qcaqaacaac 900
     atccatgtga aagacatcgt taaggtcatt gatggccccc actcaggccg agaagggag 960
     attegecate tetteegaag ettegeette etacattgea agaaactggt ggagaacqgg1020
     ggcatgtttg tctgcaagac ccgccacctg gtgctggctg ggggctcaaa gccccgtgat1080
55
     gtgaccaact tcaccgtggg tggctttgcg cctatgagtc cccggatcag cagccccatg1140
     caccccagtg ctggaggtca gcgtggcggc tttggtagcc caggtggcgg cagtggtggc1200
     atgagcaggg gccggggccg gagggacaac gaactcatcg gccagaccgt gcgcatctcc1260
```

```
caggggccct acaaaggcta catcggtgtg gtgaaagatg ccacagagtc cacggcccgt1320
     gtggagctgc actccacctg ccagaccatc tctgtggacc gtcagcggct caccacggtg1380
     ggctcacggc gcccgggcgg catgacctcg acctatggga ggacgcccat gtatggctcc1440
     cagacgeeca tgtatggete tggeteecga acacceatgt acggeteaca gacaccete1500
5
     caggatggta geogeacece acactaegge teacagaege ecetgeatga tggcageege1560
     actectgece agagtgggge etgggacece aacaacecea acaegeegte aegggetgag1620
     gaagaatatg agtatgettt egatgatgag eccaeeeegt eecegeagge etatggggga1680
     acceccaate eccaaacace tggetaecca gaccectegt ecceacaggt caacceaca1740
     tacaaccege agacgecagg gacgecggee atgtacaaca cagaccagtt etetecetat1800
     geggggeeet ceccacaagg ttectaceag eccageeeca geeeccagag etaccaceag1860
10
     gtggcgccaa gcccagcagg ctaccagaat acccactccc cagccagcta ccaccctaca1920
     cogtogocca tggcctatca ggctagocco agoccgagoc cogttggcta cagtoctatg1980
     acacctggag ctccctcccc tggtggctac aacccacaca cgccaggctc aggcatcgag2040
     cagaactcca gcgactgggt aaccactgac attcaggtga aggtgcggga cacctacctg2100
     gatacacagg tggtgggaca gacaggtgtc atccgcagtg tcacgggggg catgtgctct2160
15
     gtgtacctga aggacagtga gaaggttgtc agcatttcca gtgagcacct ggagcctatc2220
     acccccacca agaacaacaa ggtgaaagtg atcctgggcg aggatcggga agccacgggc2280
     gtcctactga gcattgatgg tgaggatggc attgtccgta tggaccttga tgagcagctc2340
     aagateetea aceteegett eetggggaag eteetggaag eetgaageag geagggeegg2400
20
     tggacttcgt cggatgaaga gtgatcctcc ttccttccct ggcccttggc tgtgacacaa2460
     gatectectg cagggetagg eggattgtte tggattteet tttgttttte ettttagttt2520
     tecatetttt eceteeetgg tgeteattgg aatetgagta gagtetgggg gagggteeee2580
     accttcctgt acctcctccc cacagcttgc ttttgttgta ccgtctttca ataaaaagaa2640
     25
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 877 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
taaattcgcg gcccgtcgac tttttttt tttttttt agctctcta gaaattttat 60 tggtcctgga gaaaggaagg caaactctgc ctcccgctca gagtcccccc aaccctcact120 gtttcccgtt gccattgatg gggaggttca cgtactcagg ggaggccagg aaggccttga180 gcttgggccg ggcactgagg cgccccacat atgctgagag caggggggaac gcatccaggc240 agccaggggc taggacctca tggatcagca gcaagtccag caggttgtag tcagcgaagg300 agatctggt tcccacaatg aaggtcttgc ctcctggtt ctgggacagc agggtctcaa360 aaggcttcag ttgccgggc agtgcctca catagtcatc cttgcccgcc tcatagttgg420 tgtagatgag ggagatgtat ttgcagcgga ggtcctccac gccgtcattc accatgtcca480
```

30

35

40

```
ccagggctgc ctcctgctgg tccttcccat agagcccaag ggtgcggcc aggtgacgca540 ggatggtatt ggactggtac agggtgaggt ctccgtcctg gaacttgggg agctgccgt600 ataggcagga ggctttgagt gagccctcct gccacgtctc cacggtcacc acctcctc660 tccagctctg gccctgatct gccagcagca tgcgcaggg cgcgcagcgg cctcgaactg720 ggaaatagac cacggtgtag ggcggcatgg tggcgaagac tgcggcggcg aaactccagc780 gagtcacgg gccgcccga gccttataag ggtggtcccg ccccgctccg cccagtgct840 gagtcacggc gccggcgct cttctggagg gtcccgc
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

10

15

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 548 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

```
ccctctctc cagcgctct tttcctacaa ccctctcc tcagcgcttc ttcttcttg 60 gtttgatcct gactgctgtc atggcgtgcc ctctggagaa ggccctggat gtgatggtgt120 ccaccttcca caagtactcg ggcaaagagg gtgacaagtt caagctcaac aagtcagaac180 taaaggagct gctgacccgg gagctgccca gcttcttggg gaaaaggaca gatgaagctg240 ctttccagaa gctgatgagc aacttggaca gcaacaggga caacgaggtg gacttccaag300 agtactgtgt cttcctgtcc tgcatcgcca tgatgtgtaa cgaattcttt gaaggcttcc360 cagataagca gccaggaag aaatgaaaac tcctctgatg tggttggggg gtctgccagc420 tggggccctc cctgtcgcca gtgggcactt tttttttcc accctggctc cttcagacac480 gtgcttgatg ctgaccagt tcaataaaga ttcttggaag ttttaaaaaa aaaaaaaa540 aaaaaaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1221 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

```
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN
```

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```
tggaagcata aatggggagg ggagagccca ctgggtagaa ggaacaggga gcggccagga
      tetgetgetg geactgeegg teetggegag eegegeetae geggeeeetg eeceaggeea 120
 15
      ggccctgcag cgagtgggca tcgttggggg tcaggaggcc cccaggagca agtggccctg 180
      geaggtgage ctgagagtee acggeecata etggatgeae ttetgegggg geteecteat 240
      ccacccccag tgggtgctga ccgcagcgca ctgcgtggga ccggacgtca aggatctggc 300
      cgccctcagg gtgcaatgcg ggagcagcac ctctactacc aggaccagct gctgccggtc 360
      agcaggatca togtgcacco acagttotac acogcocaga toggagegga catogcoctg 420
20
      ctggagetgg aggageeggt gaaggtetee agecaegtee acaeggteae cetgeeceet 480
      geetcagaga ectteeece ggggatgeeg tgetgggtea etggetgggg egatgtggae 540
      aatgatgage geeteecace geeattteet etgaageagg tgaaggteec cataatggaa 600
      aaccacattt gtgacgcaaa ataccacctt ggcgcctaca cgggagacga cgtccgcatc 660
      gtccgtgacg acatgctgtg tgccgggaac acccggaggg actcatgcca gggcgactcc 720
25
     ggagggeece tggtgtgeaa ggtgaatgge acctggetge aggegggegt ggteagetgg 780
     ggcgaggget gtgcccagcc caaccggcct ggcatctaca cccgtgtcac ctactacttg 840
     gactggatcc accactatgt ccccaaaaag ccgtgagtca ggcctgggtt ggccacctgg 900
     gtcactggag gaccaacccc tgctgtccaa aacaccactg cttcctaccc aggtggcgac 960
     tggcccccac acettecetg eccegtectg agtgcccctt cetgtectaa gccccctgct1020
30
     ctettetgag eccettecce tgteetgagg accettecce atcetgagee ceettecetg1080
     tectaageet gaegeetgea eeggeeete eggeeeteee etgeeeagge agetggtggt1140
     gggcgctaat cctcctgagt gctggacctc attaaagtgc atggaaatca aaaaaaaaa1200
     aaaaaaaaa aaaaaaaaa a
35
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 252 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40

45

```
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
```

```
5 cagtacagag cgggacaggg tgctgccggc acagggctga ccacagagca catcaaaaga 60 ggcccactg ctcagtggag cgtggaggac gaggaggagg ccgtccacga gcaatgccag120 cgaacaggag tggtctcagc tgaagctcga ggcctgactg tgccgagcgg180 tccagagcag ac ggcctgactg atgagacgag gcttgggatg240
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 733 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

15

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```
gcgtcgacgg aggttgagac cagcctgacc aacatgatgt aaaaccccat ctctactaaa 60
35
     aatacaaaaa aattggctgg gtgtggtggt gggtgcctgt agttccagct gctcaagagg120
     ctgaagcaca agaatcgctt gaacccagga ggtggaggtt ggagtgagcc aagatcaagc180
     tactgcactc tccagcctgg gctacagagt gagactctca aaaaaaagaa ataataataa240
     taagacaaaa gagacaaggt etecaggetg gteaacteet ggeeteaaat gateeteeca300
     cetcageete ceaageagee gggactacag geaaacatea ceatgtecag etgtececag360
40
     ctttctaatc tggtctttct cttgccccag aacctcaaga aggcatgaag ccagccctg420
     cagtgccgtc caccegeece tetgggeetg cetgtggetc tgttgeeetc etetgtggcg480
     gcaggacett tgtggggett egtgeetge tetggggeec aggegggget ggteeacatt540
     cccaggeece aacageette aaagatgggt aaaggagett geeeteectg ggeeececac600
     cttggtgact cgccccacca cccccagccc tgtccctgcc acccctccta gtggggacta660
45
     aaaaaaaaa aaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 720 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel

- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 10 (vi) HERKUNFT:

35

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2124 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```
caaacacgcg ggtcagctga tccggcccaa ctgcggcgtc acccggctat aagcgcacgg 60
     cctcggcgac cctctccgac ccggccgccg ccgccatgca gccctccagc cttctgccgc 120
     tegecetetg cetgetgget geacegeet eegegetegt eaggateeeg etgeacaagt 180
     teacgteeat eegeeggace atgteggagg ttgggggete tgtggaggac etgattgeea 240
     aaggccccgt ctcaaagtac tcccaggcgg tgccagccgt gaccgagggg cccattcccg 300
     aggtgctcaa gaactacatg gacgcccagt actacgggga gattggcatc gggacgcccc 360
     cccagigett cacagiegte ticgacaegg geteetecaa cetgigggie ecetecatee 420
10
     actgcaaact gctggacatc gcttgctgga tccaccacaa gtacaacagc gacaagtcca 480
     gcacctacgt gaagaatggt acctcgtttg acatccacta tggctcgggc agcctctccg 540
     ggtacctgag ccaggacact gtgtcggtgc cctgccagtc agcgtcgtca gcctctgccc 600
     tgggcggtgt caaagtggag aggcaggtct ttggggaggc caccaagcag ccaggcatca 660
     cetteatege agecaagtte gatggeatee tgggeatgge ctaccecege ateteegtea 720
15
     acaacgtgct gcccgtcttc gacaacctga tgcagcagaa gctggtggac cagaacatct 780
     teteetteta eetgageagg gaceeagatg egeagetggg ggtgagetga tgetgggtgg 840
     cacagactee aagtattaca agggttetet gteetacetg aatgteacee gcaaggeeta 900
     ctggcaggtc cacctggacc aggtggaggt ggccagcggg ctgaccctgt gcaaggaggg 960
     ctgtgaggcc attgtggaca caggcacttc cctcatggtg ggcccggtgg atgaggtgcg1020
20
     cgagetgeag aaggeeateg gggeegtgee getgatteag ggegagtaea tgateeeetg1080
     tgagaaggtg tccaccetge cegegateae actgaagetg ggaggeaaag getacaaget1140
     gtccccagag gactacacgc tcaaggtgtc gcaggccggg aagaccctct gcctgagcgg1200
     cttcatgggc atggacatec cgccacccag cgggccactc tggatcctgg gcgacgtctt1260
     catcggccgc tactacactg tgtttgaccg tgacaacaac agggtgggct tcgccgaggc1320
25
     tgcccgcctc tagttcccaa ggcgtccgcg cgccagcaca gaaacagagg agagtcccag1380
     agcaggagge ccctggccca gcggcccctc ccacacacac ccacacactc gcccgcccac1440
     tgtcctgggc gccctggaag ccggcgccc aagcccgact tgctgttttg ttctgtggtt1500
     ttcccctccc tgggttcaga aatgctgcct gcctgtctgt ctctccatct gtttggtgggi560
     ggtagagctg atccagagca cagatctgtt tcgtgcattg gaagacccca cccaagcttg1620
30
     gcagccgagc tcgtgtatcc tggggctccc ttcatctcca gggagtcccc tccccggccc1680
     taccagegee egetgggetg ageceetace ecacaceagg cegteeteec gggeeeteec1740
     ttggaaacct gccctgcctg agggcccctc tgcccagctt gggcccagct gggctctgcc1800
     accetacetg treagtgree egggeeegtt gaggatgagg cegetagagg cetgaggatg1860
     agctggaagg agtgagaggg gacaaaaccc accttgttgg agcctgcagg gtggtgctgg1920
35
     gactgagcca gtcccagggg catgtattgg cctggaggtg gggttgggat tgggggctgg1980
     tgccagcett cetetgcage tgacetetgt tgtcetecce ttgggegget gagageccca2040
     gctgacatgg aaatacagtt gttggcctcc ggcctcccct caaaaaaaaa aggagaaaag2100
     aaaaaggcgg ccgccgacta gtga .
```

- 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 928 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 55 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

45

```
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
```

```
cggacggtgg gcgcctgctg gcctccctt acagtgcttg ttcggggcgc tccgctggct 60
     tettggacaa ttgegecatg tgtgetgete ggetagegge ggeggeggee cagteggtgt120
     atgeettete ggegegeeg etggeeggeg gggageetgt gageetggge teeetgeggg180
10
     gcaaggtact acttatcgag aatgtggcgt ccctctgagg caccacggtc cgggactaca240
     cccagatgaa cgagctgcag cggcgcctcg gaccccgggg cctggtggtg ctcggcttcc300
     cgtgcaacca gtttgggcat caggagaacg ccaagaacga agagattctg aattccctca360
     agtacgtccg gcctggtggt gggttcgagc ccaacttcat gctcttcgag aagtgcgagg420
     tgaacggtgc gggggcgcac cetetetteg cetteetgcg ggaggccetg ceagetecea480
15
     gegacgaege cacegegett atgacegaee ceaageteat cacetggtet ceggtgtgte540
     gcaacgatgt tgcctggaac tttgagaagt teetggtggg eeetgaeggt gtgeeeetae600
     gcaggtacag ccgccgcttc cagaccattg acatcgagcc tgacatcgaa gccctgctgt660
     ctcaagggcc cagetgtgcc tagggcgccc ctcctacccc ggctgcttgg cagttgcagt720
     gctgctgtct cgggggggtt ttcatctatg agggtgtttc ctctaaacct acgagggagg780
20
     aacacctgat cttacagaaa ataccacctc gagatgggtg ctggtcctgt tgatcccagt840
     ctctgccaga ccaaggcgag tttccccact aataaagtgc cgggtgtcag cagaaaaaaa900
     aaaaaaaaa aaaaaaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59

25

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 297 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 30 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```
gcggcgtgag aagccatgag cagcaaagtc tctcgcgaca ccctgtacga ggcggtgcgg 60 gaagtcctgc acgggaacca gcgcaaggcg cgcaagttcc tggggaacgg tggagttgcal20 gatcagcttg aagaactatg atccccagaa ggacaagcgc ttctggggca ccgtcaggctl80 ttaagtccca ctttcccggc ccctaaagtt tctctgtgtg gtggtcctgg gggggaccca240 gcgagccaac tgtggacgga gggctaaagg cccgttggga ataatcccc ccaacat 297
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1837 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```
agcaggaggt tttcaaccta gtcacagagc agcacctacc ccctcctct ttccacacct
     gcaaactett ttacttggge tgaatattta gtgtaattae ateteagett tgagggetee 120
     tgtggcaaat tcccggatta aaaggttccc tggttgtgaa aatacatgag ataaatcatg 180
25
     aaggccacta tcatcctcct tctgcttgca caagtttcct gggctggacc gtttcaacag 240
     agaggettat ttgaetttat getagaagat gaggettetg ggataggeee agaagtteet 300
     gatgaccgcg acttcgagcc ctccctaggc ccagtgtgcc ccttccgctg tcaatgccat 360
     cticgagtgg tecagtgtte tgatttgggt etggacaaag tgecaaagga tetteeceet 420
30
     gacacaactc tgctagacct gcaaaacaac aaaataaccg aaatcaaaga tggagacttt 480
     aagaacctga agaaccttca cgcattgatt cttgtcaaca ataaaattag caaagttagt 540
     cctggagcat ttacaccttt ggtgaagttg gaacgacttt atctgtccaa gaatcagctg 600
     aaggaattgc cagaaaaaat gcccaaaact cttcaggagc tgcgtgccca tgagaatgag 660
     atcaccaaag tgcgaaaagt tactttcaat ggactgaacc agatgattgt catagaactg 720
     ggcaccaatc cgctgaagag ctcaggaatt gaaaatgggg ctttccaggg aatgaagaag 780
35
     ctctcctaca tccgcattgc tgataccaat atcaccagca ttcctcaagg tcttcctcct 840
     tcccttacgg aattacatct tgatggcaac aaaatcagca gagttgatgc agctagcctg 900
     aaaggactga ataatttggc taagttggga ttgagtttca acagcatctc tgctgttgac 960
     aatggctctc tggccaacac gcctcatctg agggagcttc acttggacaa caacaagctt1020
     accagagtac ctggtgggct ggcagagcat aagtacatcc aggttgtcta ccttcataac1080
40
     aacaatatet etgtagttgg atcaagtgae ttetgeecae etggacacaa caccaaaaag1140
     gcttcttatt cgggtgtgag tcttttcagc aacccggtcc agtactggga gatacagccal200
     tecacettea gatgtgteta egtgegetet gecatteaae teggaaaeta taagtaatte1260
     tcaagaaagc cctcattttt ataacctggc aaaatcttgt taatgtcatt gctaaaaaat1320
45
     aaataaaagc tagatactgg aaacctaact gcaatgtgga tgttttaccc acatgactta1380
     ttatgcataa agccaaattt ccagtttaag taattgccta caataaaaag aaattttgcc1440
     tgccattttc agaatcatct tttgaagctt tctgttgatg ttaactgagc tactagagat1500
     attcttattt cactaaatgt aaaatttgga gtaaatatat atgtcaatat ttagtaaagc1560
     ttttcttttt taatttccag gaaaaaataa aaagagtatg agtcttctgt aattcattgal620
     gcagttagct catttgagat aaagtcaaat gccaaacact agctctgtat taatccccat1680
50
     cattactggt aaagcctcat ttgaatgtgt gaattcaata caggctatgt aaaattttta1740
     aagaggagaa gaaaaagggg aaaaaaaagg gggtgag
```

- 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1346 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 **(C) ORGAN**:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```
cggctccggg cagccagcgc aggggcttct gctgaggggg caggcggact tgaggaaacc 60
     gcagataagt ttttttctct ttgaaagata gagattaata caactactta aaaaatatag 120
     tcaataggtt actaagatat tgcttagcgt taagttttta acgtaatttt aatagcttaa 180
25
     gattttaaga gaaaatatga agacttagaa gagtagcatg aggaaggaaa agataaaagg 240
     tttctaaaac atgacggagg ttgagatgaa gcttcttcat ggagtaaaaa atgtatttaa 300
     aagaaaattg agagaaagga ctacagagcc ccgaattaat accaatagaa gggcaatgct 360
     tttagattaa aatgaaggtg acttaaacag cttaaagttt agtttaaaag ttgtaggtga 420
     ttaaaataat ttgaaggcga tcttttaaaa agagattaaa ccgaagtgat taaaagacct 480
30
     tgaaatccat gacgcaggga gaattgcgtc atttaaagcc tagttaacgc atttactaaa 540
     cgcagacgaa aatggaaaga ttaattggga gtggtaggat gaaacaattt ggagaagata 600
     gaagtttgaa gtggaaaact ggaagacaga agtacgggaa ggcgaagaaa agaatagaga 660
     agatagggaa attagaagat aaaaacatac ttttagaaga aaaaagataa atttaaacct 720
     gaaaagtagg aagcagaaga aaaaagacaa gctaggaaac aaaaagctaa gggcaaaatg 780
     tacaaactta gaagaaaatt ggaagataga aacaagatag aaaatgaaaa tattgtcaag 840
35
     agtttcagat agaaaatgaa aaacaagcta agacaagtat tggagaagta tagaagatag 900
     aaaaatataa agccaaaaat tggataaaat agcactgaaa aaatgaggaa attattggta 960
     accaatttat tttaaaagcc catcaattta atttctggtg gtgcagaagt tagaaggtaa1020
     agcttgagaa gatgagggtg tttacgtaga ccagaaccaa tttagaagaa tacttgaagc1080
40
     tagaagggga agttggttaa aaatcacatc aaaaagctac taaaaggact ggtgtaattt1140
     aaaaaaaact aaggcagaag gcttttggga gagttagaaa agaatagaga agatagggaa1200
     attagaagat aaaaacatac ttttagaaga gaaaagataa atttaaacct gaaaagtagg1260
     ccctgcagtc ctactacagt ctggggtggg gtcctaagag gaggggtccc acctcagccc1320
     ctgtcagggt ccactggggg gggggg
45
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 251 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

50

hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

10

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

15

20

```
ggagccgcag ggcccgtagg acgcccatgg gcgcccagcc cggaatggca tggtcttgaa 60 gccccacttt ccacaaggac tggcagcgc gcgtggccac gtggttcaac cagccggccc120 gtaaqatccg cagacgtaag gcccggcaag ccaaggcgc cgggatcgcc cgcggcccgc180 gtgggtccc atgcgggcca tggtgcgct ccccaaggtt tggtaccaca cgaaggtggc240 gccggccgc g
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:
- 25 (A) LÄNGE: 257 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 35 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 63:

40

KNLSQLEPRE NAKEEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLPRR 60
RSPASPRSAH LHHLGGLEHF HLALADLLDV EGEGWHLVDR GLGARVHHVV GREGFAQLVP120
RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLAGTHLG LLHLLLGEGL180
LEVVHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSSS PSFSGSASDS240
45 FSDLLMLSLA GSFTSSW 257

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:
 - (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
- 50 (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

```
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
```

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 64:

KSRRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60 EGLLQGEDGE DQGAYPREPG EDAPQDQGKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120 AGQVAQILHA RPRGVRALQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHRDGG GGRSGGRPAT180 CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(, ,, 0, 1, 0

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 65:

35 GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSLER120
QAGQIKKLEV NEAELLRRNN FKVMIYQDEV KLPAKLSISK SLKESEALPE KEGEELGEGE180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH -

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 66:
5	GEGRVWNPEG SKSRHWPDHP APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60 IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP 94
•	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:
10	(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
15	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 67:
	GLTLKKGTFP RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDFLI SWNAFQDWKS60 PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:
30	(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 68:
,	DVLDSLNWDG ESSMTGTRGE FSCLFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENSC60 SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89
50	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:
	(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren (B) TYP: Protein

10

20

35

(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 69:

LGSRREQKGP GRMTAQALVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPRL CGQLGQPPVR 60 REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLPRSVL 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(A) LÄNGE: 146 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 70:

READPVARTA SAGSKTRRNP NQNGWRLVGP GSYSSSLGRE PGPGPSSSPG LSAHDGTQVR 60 VHAGFCLGLH PSGAPRPQGQ SRGRHQAPSY TGSSAPPPGA GVAEGDPGFS RGHWGTVRYS120 PRLFSGGSPT GMGGSDSGGS QGHLEP

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 71:
5	QDASGKVTLG RGGCNLPPAR AQGPQRVSCN NAGPERTQPG TFPSLAGARS SSHRRGFSPD 60 GRLTQLPAQP RLVAKLGETR TRTDGGSWGP AATPLRWAEN QGLGRHPPRA FLLTTGPKSG120 SMQGSAWAST PAGPPDPRAK AVGGTKPRAT RGHLHHPLGQ GWLRGTLVSP EDTGGL 176
10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:
10	(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
15	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 72:
	KMRKLRLREV KYLAQGHTAR IFHLTQIKKV RKQDFQKEAQ HFRLLAGPHE GHWNVFLAQT60 LELKVTASPD KVTKT 75
30	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:
35	(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
40	(iii) HYPOTHETISCH: ja
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 73:
50	VQNIRYPPKP QTNLRRFAPG NTEASDLVEI YLWKLVKDEE TEAQRGEVPG PRPHSQNLPL 60 DSDQESQEAR LPERGTALPT ARWPPRRSLE RLPSPDPGAE GHGQSRQSDQ DITKT 115
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 74:	
15	EDVPVTFVGA SEQSEVLCLF LEVLLPDFLD LSQVEDSGCV ALGQVLHLSE RGRSPPSPRP RCSQGQSDGG WSGALGDTGC FGR	PQFPHLLPAS60 93
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:	
	(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 75:	
40	RPRPWFSAQR RGVAAGPHEP PSVLVRVSPS FATSRGCAGN WVSLPSGEKP REGKVPGCVL SGPALLQDTR WGPCALAGGR LQPPRPNVTF THSLSSCPPV HPFRSARAFP EASCDSGRGD TSLRGRPHGV TRPAPMRIRP PLHLGALAAR LNSG	TPSPPSPSSH120
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:	
45	(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
50	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
50	(iii) HYPOTHETISCH: ja	

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 76:
	LGSRREQKGP GRMTAQALVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPRL CGQLGQPPVR 60 REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLHSQSEFL120 SACHALTTLP FQPPPFPFRS GLPRSVL 147
10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:
15	(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 77:
30	VKVTLGRGGC NLPPARAQGP QRVSCNNAGP ERTQPGTFPS LAGARSSSHR RGFSPDGRLT 60 QLPAQPRLVA KLGETRTRTD GGSWGPAATP LRWAENQGLG RHPPRAFLLT TGPKSGSMQG120 SAWASTPAGP PDPRAKAVGG TKPRATRGHL HHPLGQGWLR GTLVSPEDTG GL 172
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:
35	(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
40	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 78:
50	. IVIISVLHWG ILLEASFQKF CLKKNSGFVL LFQMRYHRGL GLDCHQHTAI LFVCSY 56
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

	(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 79:
	LMRATWVKKL PVNSHHFCPS LGNTFRGQFP KILLKKEFWF CLTLPDEISQ RLGPRLSSAY60 CYTIRLFLLS LIVCNA 76
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:
25	(A) LÄNGE: 45 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 80:
	QYADDNLGPS LCDISSGRVR QNQNSFLSRI FGNWPLKVFP NEGQK 45
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:
45	(A) LÄNGE: 465 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
50	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 81:

5 EREERQKEPA TVVSGPLRGA SRTGGSPGGC RGRTRQRRRP GNGRGVAASL SSGREVQRVP 60
HTNVSTVSDA VYPPAHQLLR ENAKAGHPPA LRRQYLRLRG QLLGQRYGPL SEPGSARAYS120
NSIVRSSRTT LDRMEDFEDD PRALGARGHR RSVSRGSYQL QAQMNRAVYE DRPPGSVVPT180
SAAEASRAMA GDTSLSENYA FAGMYHVFDQ HVDEAVPRVR FANDDRHRLA CCSLDGSISL240
CQLVPAPPTV LRVLRGHTRG VSDFAWSLSN DILVSTSLDA TMRIWASEDG RCIREIPDPD300
SAELLCCTFQ PVNNNLTVVG NAKHNVHVMN ISTGKKVKGG SSKLTGRVLA LSFDAPGRLL360
WAGDDRGSVF SFLFDMATGK LTKAKRLVVH EGSPVTSISA RSWVSREARD PSLLINACLN420
KLLLYRVVDN EGTLQLKRSF PIEQSSHPVR RSSVPSCPSA RGPAW

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

15

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

25

35

40

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 82:

SSNLLRQALM SSEGSRASRL TQDRAEMLVT GLPSCTTKRL ALVSFPVAIS KRKEKTLPRS 60
SPAQSSRPGA SKDRARTRPV SLLEPPFTFL PVEMFMTCTL CLAFPTTVRL LLTGWKVQQS120
SSALSGSGIS RMQRPSSEAQ MRMVASSEVD TRMSLERDQA KSETPRVWPR STRSTVGGAG180
TSWHREMLPS SEQQARRCRS SLAKRTLGTA SSTCWSKT 218

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:
 - (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 83:

PRRGQWIPTA QPVPSMPWDA SPHPGLFLCS EVPSRPPQSR PKPHVPCPGT AWAMRGASRG 60 RHHHLTAGDP PSPSPLSAPD SLAIARRWPQ QAPRFCSRGA ELADRAPLNR TPSHQPRPCF120 VWPHVSQIF

5

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 84:

APRDLTQHPR RPPGGAWAAP QSHSSTLYLC KALSAVLRGG WVGREGLGQA LSSLSLWVGQ 60
EVPPTRLGRL GASASGLVNM YDVLCFFNQG GASGFPQHNR SLPCPGMPHH TQVSSFALRS120
LQGLPNPGQS PMCLVQELPG PCEGPAEGAT TT 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

30 (A) LÄNGE: 220 Aminosäuren

(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 40 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 85:

FFLFYSFFVF VIFFFFGFCC FVFFFLFFFL VLRKSETREA RQSKAGAGGM GCGSGGPGLP 60
TQLLCCKSGV LVGAISWQWQ VSLEQRGERG WVGPQPSGGG GALCWPLAWP RQFLDKAHGA120
LAWIGEALKG PQSKGRDLGV VRHPRAWKGP VVLWESTGPS LVKKAQHIIH IYQTRSAGPK180
SPQPGRGNLL ANPQRERGES LPQPLPAHPP TPEDCRECFA

50

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(A) LÄNGE: 163 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 86:
15	RMRIANRTRF SSPFLARGAG WTHGRGMMVV GTGTSLALSS LLSLLLFAGM QMYSRQLAST 60 EWLTIQGGLL GSGLFVFSLT AFNNLENLVF GKGFQAKIFP EILLCLLLAL FASGLIHRVC120 VTTCFIFSMV GLYYINKISS TLYQAAAPVL TPAKVTGKSK KRN 163
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:
25	(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
23	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 87:
40	WWWVRAPRWR SPPSCPCCSL LGCRCTAVSW PPPSGSPSRA ACLVRVSSCS RSLPSIIWRI 60 LSLAKDSKQR SSLRFSCASC WLSLHLASST ESVSPPASSS PWLVCTTSTR SPPPCTRQQL120 QSSHQPRSQA RARRETDPEC SIKLILCKKK KKKK
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:
45	(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
50	(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 88:

FFFFFFLQRI NFIEHSGSVS LLALACDLGW CEDWSCCLVQ GGGDLVDVVQ TNHGEDEAGG 60 DTDSVDEARC KESQQEAQEN LREDLCLESF AKDKILQIIE GSEREHEETR TKQAALDGEP120 LGGGQLTAVH LHPSKEQQGQ EGGERQRGAR THHHHAPPVS PTGASGQERR AEPGAVSYAH180 ASAL

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

5

10

15

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 89:
- SNORTIRKGS LSLLDTGPQR GKSDLPKVVS KLLAWQEPSF LTERNISPLH CASSSAGPLT60
 CDVTLKRPWQ LLAIELPFQN PSTAQCGDRG
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:
 - (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

45

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 90:
- 50 PLSPHWAVEG FWKGSSMARS CQGLLSVTSQ VRGPAELLAQ CSGEMLRSVR KLGSCHASSL60 LTTLGKSLFP LWGPVSKRLN EPFLMVL 87
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

	(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 91:
	LLSYLCKMKT GHYPSLKRNW GIPGLPLLLW PKAEQILLYP LPKWNAQCNS SFPYETGRVP60 GPRPGPRLSR HIIASKLKHT SSHNLDLIPN PKF 93
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:
25	(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 92:
	RQYSYSCMGG MLAICDVAEY RKCAKDFKIP MVLHLFDTLH ALCNLLVVAP DNLKQVCSGE60 QLANLDKNIL HSFVQLRADY RSARLARHFS 90
10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:
15	(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
50	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 93:

NNDWNKTAAI LTFEVLFKVW IPLAIFCFFP LTLNFNSILE CRNFRFSKTT CHCFYPRKCC60 CQKAKEMLPV FSVLVLLTYS I

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

10

5

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 94:

SKSAQENNLL IWTRIYFTPS YNFVLIIDLP ALLDTSAEIE FTKEFSVSSF TEECLILQQP 60 SVDRKHRRYL MTQPTFCETM TGTKQQPYLP LRFYLKFGYH 100

- 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:
 - (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ia

40

35

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 95:

ERFLTTCDGH RACSTYRTIY RTAYRRSPGL APARPRYACC PGWKRTSGLP GACGAAICQP 60
PCRNGGSCVQ PGRCRCPAGW RGDTCQSDVD ECSARRGGCP QRCVNTAGSY WCQCWEGHSL120
SADGTLCVPK GGPPRVAPNP TGVDSAMKEE VQRLQSRVDL LEEKLQLVLA PLHSLASQAL180
EHGLPDPGSL LVHSFQQLGR IDSLSEQISF LEEQLGSCSC KKDS 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

```
(A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
           (B) TYP: Protein
           (C) STRANG: einzel
           (D) TOPOLOGIE: linear
  5
        (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
       (iii) HYPOTHETISCH: ja
 10
        (vi) HERKUNFT:
           (A) ORGANISMUS: MENSCH
 15
       (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 96:
      GPTWPWDAVG VARVGVARGG FTEKIPAHPM PGSGEPPEEG EEEEEEGPAW PSAQSPRGGF 60
      WTPSMLGRGM GAAGRREGLS PAWGAGQSRV FLAGAGPQLL LQEGNLLAQG VDAAELLEGV120
      HQEAAGVREP MLQCLRGQAV QWGQHQLQLL LQQVHPGLQP LHFFLHCTVH SCRVGGHPGG180
      PSLGHTECTV CRQAVPLPTL APVTAGGVDA ALGTAAPPST AFIHI
20
     (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:
           (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
25
           (B) TYP: Protein
           (C) STRANG: einzel
           (D) TOPOLOGIE: linear
       (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
30
      (iii) HYPOTHETISCH: ia
       (vi) HERKUNFT:
35
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 97:
     VQLAFVGQKS RLGSGAGHDG GGYGHLAGAL LPPVPAALCW DAGVRPSAGL RRVARRPGRA60
40
     AWFG
    (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:
          (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
45
          (B) TYP: Protein
          (C) STRANG: einzel
          (D) TOPOLOGIE: linear
      (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
50
      (iii) HYPOTHETISCH: ia
```

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 98:
10	FSSRLLARRA GWAQGRGMMV VGTGTSLALS SLLSLLLFAG MRVCGRPLAS AGWLAVRGGL60 LGSG
10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:
15	(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 99:
30	TRTKQPAPDG EPPGGGQRTA AHPHPSKEQQ GQEGGERQRG ARTHHHHAPP LSPTGSSGQQ60 TRAE
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:
35	(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
40	(iii) HYPOTHETISCH: ja
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 100:
50	WVREQGVKLG SACISGPLGN VPFFSVRAQC QCAYGAQRSR HCAAPALPQC ALS 53
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

	(A) LÂNGE: 45 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear		
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
10			
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 101:		
	LAQSALGQGW GSTMSTPLGT ICTLALSSDT EEGDIPKGTR NTGRP		45
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:		
	(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear		
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 102:		
	GPAARLPQVT GPQALASSER TGAGLGQHNV YSSGHHMHTG TEL		43
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:		
45	(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	,	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
50			
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		

129

-	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 103:	
5	RMFHGIPATP GIGAPGNKPE LYEEVKLYKN AREREKYDNM AELFAVVKTM CVSPSEYTAA CSRLLVQYKA AFRQVQGSEI SSIDEFCRKF RLDCPLAMER DDKGNLNRCI ADVVSLFITV MDKLRLEIPR HG	QALEKAYIKD 60 IKEDRPITIK120 152
10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:	
10	(A) LÄNGE: 170 Aminosauren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
15	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:	
30	RQCKPWRRPT SRTVSPPAST LQPAPGSWSN TKLPSGRSRA QKSALLTNSA WSGSRRTGPS PSRTTRATST AASQTWSRSS SRSWTSCAWR FRAMDEIQPD MSHLPPDFEG RQTVSQWLQT LSGMSASDEL DDSQVRQMLF DVESATKLNA	ASSAWTARWP 60 LRELMETMHR120 170
30	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:	
35	(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
40	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:	
50	ALSFVADSTS NSICRTCESS SSSDADMPLR VCSHWLTVWR PSKSGGRWLM SGWISSMARN LQAQLVHDRD EERDHVCDAA VEVALVVLDG DGPVLLDPLH	RCMVSISSRR 60 GQRAVQAELA120

AEFVNRADE

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

```
(A) LÄNGE: 386 Aminosäuren
           (B) TYP: Protein
           (C) STRANG: einzel
           (D) TOPOLOGIE: linear
 5
       (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
10
       (vi) HERKUNFT:
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
       (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:
15
     RAGGGGGQYC ERGEAAAQGE PQHELAGHAA LHAAPARDHP QAGQRVGALP AGEQDPEPDS 60
     RHAAAGQQVQ GPGAQVPAPG HTGPQPIRDH RAVEEHCQRV PSARPVPQPP PAAPPRVYQP120
     PTYNRIINQI STNEIQSDQN LKVLPPPLPT MPTLTSLPSS TDKPSGPWRD CLQALEDGHD180
     TSSIYLVKPE NTNRLMQVWC DQRHDPGGWT VIQRRLDGSV NFFRNWETYK QGFGNIDGEY240
20
     WLGLENIYWL TNQGNYKLLV TMEDWSGRKV FAEYASFRLE PESEYYKLRL GRYHGNAGDS300
     FTWHNGKQFT TLDRDHDVYT GNCAHYQKGG WWYNACAHSN LNGVWYRGGH YRSRYQDGVY360
     WAEFRGGSYS LKKVVMMIRP NPNT
    (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:
25
          (A) LÄNGE: 338 Aminosäuren
          (B) TYP: Protein
          (C) STRANG: einzel
          (D) TOPOLOGIE: linear
30
      (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
35
      (vi) HERKUNFT:
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
40
      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 107:
     VRASSELSPV DSVLVAAPVM APAVPDPVEV GVGTGVIPPA SLLVVGTVSC VDIMISVQGG 60
     ELLAVVPCKG VTRIAMVAPQ PQLIILALRF QAETGVFCKD FAAGPVLHGH QEFVVALVRQ120
45
     PVNVLQAQPV FAVNVPKPLL VRLPVPEEVN RAIQASLDDG PAPGVVSLVA PHLHEAVGVL180
     RLHQVDGAGV VAILQGLQAV SPWARRLVGG RWEAGESGHS GQRGWQHLQV LVTLDLVGRD240
     LVDDAVVGGW LVDPGRGSGG WLGDGPGRGH PLAVLLNCAM ISDWLWASVA RCWYLCSRSL300
     YLLASCSMSA VWFRILFSSW ESSNALSRLR MISCRSCM
    (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:
50
          (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
```

(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja 5 (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH 10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 108: SKTGEEERSE REGKPEIEGK PESEGEPGSE TRAAGKRPAE DDVPRKAKRK TNKGLAHYLK 60 EYKEAIHDMN FSNEDMIREF DNMAKVQDEK RKSKQKLGAF LWMQRNLQDP FYPRGPREFR120 15 GGCRAPRRDI EDIPYV (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109: (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren 20 (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 25 (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 109: 35 ISLHPQKRPQ FLFAFSLLIL HLSHIVKFSY HVLIAEIHIM YGLFILLEVM SQPLISFSFG60 FPGYIILSWA LSCSPCFTPW LSFTLWLSLY LWFSLSL (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110: 40 (A) LÄNGE: 398 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear 45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja 50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 110:

ODGGRRQWRW WEAQSKSDAD SGFLGLRPTS VDPALRRRR GPRNKKRGWR RLAQEPLGLE 60
VDQFLEDVRL QERTSGGLLS EAPNEKLFFV DTGSKEKGLT KKRTKVQKKS LLLKKPLRVD120
LILENTSKVP APKDVLAHQV PNAKKLRRKE QLWEKLAKQG ELPREVRRAQ ARLLNPSATR180
AKPGPQDTVE RPFYDLWASD NPLDRPLVGQ DEFFLEQTKK KGVKRPARLH TKPSQAPAVE240
VAPAGASYNP SFEDHQTLLS AAHEVELQRQ KEAEKLERQW PCPPRSRPPP RSPHSRSCAR300
GCWRSRMVRG SQARARGRRW GCRGLSHARP PGHHREEDGA AAAAGEGCAQ AAGTAGRVAG360
RPAPAPGAVP AARDQGPGGP EAGGTGAAAE AAAGAAGG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

15 (A) LÄNGE: 307 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESÇHREIBUNG: SEQ ID NO 111:

WQLQLDLTER PLLHQLHLVL AFELGSLSRL DHIPPLEALE PVSKDVALGL QGPERVCQLR 60
AQLHVDVRCL VLEPSQPSGL VSLSLPPRLP PPPPPRQSRQ PQGHLGLDPA QPEQLLVPEP120
GGPQRGLLYP QPVHSLLPPP LLLRLLLCGG QAGGRGTDLG IPTSGPSPWP GSPSPSDSSS180
SPSHSSWNVD SWVAACSVAG RATAAPASPP PSAAATPPRG PLRAGSGGLQ RMDCRKLRQA240
PPPRRAPGTA WCAGVLAASL LSSWSAPGKT HPGQPTACPG GCLRPRGRRR AALRCPGARA300
WPLLQKG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

40

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 112:

EDVPVTFVGA SEQSEVLCLF LEVLLPDFLD LSQVEDSFYQ LPEVDLHQVR GLVFQGKATQ 60 VVWAFGDTDV WTRTPGALG HLVELISLWP GSALSSGQIL QHFPATFSG 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 178 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

5

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 113:

TPSASLFPSI LGEREARSTP APTGLSAPLS FIPRHFRPKG AGSTTVKIVL KEKHKKACVH 60 GGKTYSHGEV WHPAFRAFGP LPCILCTCED GRQDCQRVTC PTEYPCRHPE KVAGKCCKIC120 PEDKADPGHS EISSTRCPKA PGRVLVHTSV SPKAQTTCVA LPWNTRPRTW WRSTSGSW 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

30 (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 114:

PVPPSTPAVT PRKWLGSAAR FAQRTKQTLA TVRSVLPGVP RHRAGSSSTH RYPQRPRQPA 60 SLCPGTRGLG LGGDPPLEAG KRNLPLDSDQ ESQEARLPER GTALPTARWP PRRSLERLPS120 PDPGAEGHGQ SRQSDQDITK T 141

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH 10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 115: YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVCFCGM YICTPNYLAL 60 15 GNHSTTQRQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTSD FIKGLPANKV HPKYTGEKAR LLQGPRV (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116: (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren (B) TYP: Protein 20 (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 25 (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 116: 35 STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPQSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKM60 TGHPMSVMPM KPHLLEKPLN ONYLFS (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117: (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren 40 (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 45 (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 117:

SCRCFYCMPD MPLTRFWRTP NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60 SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1939 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20

5

10

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

30	CCAGTCAAGA	ATCTCCCACT	AAGCTTCAAA	GTAGTGGATT	ACAGCATGGC	AACCATGCCA	60
	GTAATTTGAA	ATTTAGTAGA	GAGGCTTTCG	CTTAGTAGAG	ATGGGTTTTT	GCAGGCTGCT	120
	CCCGAACTCC	TGACCTCACC	CCACCCGCGG	CAACCCCCC	ATCGGGCCCC	CAAAGTGCTG	180
	GGGTTACAGG	CTTAAGCCAC	CAAGCCCGGC	CGACCTTCTT	CTATTTTTCC	ATTCTCCTTT	240
	CCAAAGCCAT	GGCCATGCGC	TCCTGTGTAC	AGGTGCATAA	ACACATCAGT	GTGCCATCCC	300
35	TCACATGCAT	GTCGTTCCCC	ACCCCTCCTT	CCCAGGGCTT	CTCTTGGCTC	CAGCGTTCCT	360
	CTGGGACCCT	CTGCAGATAC	AGCCTGTGCT	GGACCCCCAG	CCAGGGTGAG	GGCTCATTCT	420
	GCTCTGTCTT	CCCCACTGCC	TCAGTTTCCC	CCAAAAGCTG	CTTTCACGTC	CTTCTAGTAG	480
	GGGGCCTCCC	ATGGGGGCAA	GGATCCCCTT	TAGGATTCAA	TCTTTCCTCT	TTGGGCAGTT	540
	TTGGCTTTGA	GTCCCCCAGG	GATCAGGGTG	AGAATGAAGA	AGAGCTCAGT	GAGCGGAATG	600
40	ACAGCAGCTG		GTGGGGAGAG	GCTGAGGGGA	AGGCAGCTCT	AAGACTGGGA	660
	GTGGAGTTCC	TGGAGGTGTG	GGGAGGGGG	CGTGTTTTCA	ATTTAGAAAA	ATCTCAGCCA	720
	GCTCGAGCCG	AGAGAGAATG	CGAAAGAGGA	AGTTCGGAAG	GAGCGAGGAA	TGGGGTGGGT	780
	GGCAGCGGGG	GCCGCTCAGT	CGCTGTCGCT	CTTGTCCACC	AGCACGGCGT	CCGACTCCTC	840
	GGTGATCTCC	AGCAGCGCGT	GCACGTCGGG	GCTGCTCCCG	CGCCGCAGGT	CGCCGGCCTC	900
45	CCCCCGCTCC	GCGCCGCCCT	CGTCGTCGTC	GGCGCCCACC	TCCACCATCT	CGGTGGCCTT	960
	GAGCACTTCC	ACCTGGCCCT	CGCGGATCTT	CTTGACGTGG	AAGGTGAAGG	GTGGCACCTTI	1020
	GTAGACCGCG	GTCTTGGAGC	GCGCGTACAC	CACGTGGTCG	GGCGTGAAGG	ATTTGCGCAAI	080
	CTTGTCCCGC	GACGTCTTCA	GTTTCTCGCG	CCGCTCGGCG	GGCACCAGGC	GCGTGCCCAG	140
	CTTGTTCATG	CGCTTCTCCA	GGGTGTGCCG	CGTCTTCTCC	AGGTTTTCCT	TGGTCTTGAGI	1200
50	GCGCGTCTTC	TCCAGGTTCT	CGCGGGTACG	CACCTTGGTC	TTCTCCATCT	TCTCCTTGGA1	1260
	GAAGGCCTTC	TTGAAGTCGT	CCACGCGCCG	CAGGCCCTGC	GCTTGATACG	CTCTGCGCGGI	1320
	GACTCCTCAA	TAACCTCCTC	AACCTCCACC	GCCTCGTCCG	ACGAAAGCTC	CAGCGCCGCTI	1380
	GCGTCCTCCT	CGGGCCGCTC	GCCCTCGCCC	AGCTCCTCGC	CCTCCTTCTC	TGGCAGCGCCI	1440
	TCCGACTCTT	TCAGCGATTT				TTCATCCTGG	
55	TAGATCATGA	CTTTAAAGTT	GCGGCGCCGC	AGCAGCTCGG	CCTCGTTGAC	CTCCAGCTTCI	1560
	TTGATCTGCC	CCGCCTGGCG	CTCCAGGCTG	CCGCGCACGG	TCTTCACGTT	GACGCTGACCI	620
	TTGCGCACCT					CGCCTTGCCC1	

AGCTTGCTCA GCTCGCCCTG GATGCTCTGC ACTGCGCCCT CCATCTCCGC CTGCCGCTCC1740
TCCAGCTGTG CTTGAGTCAG CTGGATCTGG TCTACGGCCC CGATGATTTT GTCCAGGAGG1800
CTCAGCACCA GCACGCTGT CACCTGGTCC GACTTGATCA GCTCTTCTGA GCCGGCCCCC1860
GACGGCTCCT CCGCTGCCTG AGCCCCAGCG GAGGAAGCTC CGGGGCCCCC1860
TACCCGGGCA AGCGGCCCC 1939

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1194 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

25

30

5

10

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

CGGCTCGAGG TGCCCCTGGG AACCCCCAGA ATCAGAGCCT CCCATGCCCG TCGGTGACCC 60 CCCAGAGAAG AGGCGGGGGC TGTACCTCAC AGTCCCCCAG TGTCCTCTGG AGAAACCAGG 120 GTCCCCCTCA GCCACCCCTG CCCCAGGGGG TGGTGCAGAT GACCCCGTGT AGCTCGGGGC 180 TTGGTGCCGC CCACGGCTTT GGCCCTGGGG TCTGGGGGCC CCGCTGGGGT GGAGGCCCAG 240 GCAGAACCCT GCATGGACCC TGACTTGGGT CCCGTCGTGA GCAGAAAGGC CCGGGGAGGA 300 35 TGACGGCCCA GGCCCTGGTT CTCTGCCCAG CGAAGAGGAG TAGCTGCCGG GCCCCACGAG 360 CCTCCATCCG TTCTGGTTCG GGTTTCTCCG AGTTTTGCTA CCAGCCGAGG CTGTGCGGGC 420 AACTGGGTCA GCCTCCCGTC AGGAGAGAG CCGCGTCTGT GGGACGAAGA CCGGGCACCC 480 GCCAGAGAGG GGAAGGTACC AGGTTGCGTC CTTTCAGGCC CCGCGTTGTT ACAGGACACT 540 CGCTGGGGGC CCTGTGCCCT TGCCGGCGGC AGGTTGCAGC CACCGCGGCC CAATGTCACC 600 40 TTCACTCACA GTCTGAGTTC TTGTCCGCCT GTCACGCCCT CACCACCCTC CCCTTCCAGC 660 CACCACCCTT TCCGTTCCGC TCGGGCCTTC CCAGAAGCGT CCTGTGACTC TGGGAGAGGT 720 GACACCTCAC TAAGGGGCCG ACCCCATGGA GTAACGCGCC CGGCCCCGAT GCGAATCAGG 780 CCTCCCCTAC ATCTGGGGGC GTTGGCCGCG AGATTCCCAT TGACACCTTT GTTTCGTGTG 840 CTTTTAAATT CAGGTTAAAT GTTGCAATAA TCTGATGCAG AAGACTCAGC TTCTCAAGGG 900 45 AGAGGGAGGG GGCGGACGGA ATAAATAGTA ACTTATTTAA GAAATGCACT TGGATTCCTG 960 CCATCAGTCA GGGGCGGGA AGGGAGTACC ATCCGCAGAT GGGTGCAGCA GGCACTTGGC1020 CAGCAGGACA CAGGAGACTA GCAGAAGGAA GAGGCCGGGG AGGAAGAAGC CAGCCAGGAG1080 GGGGAGCCTG GGGTACCCAG ACTCTGAGCC CCCTGATGCG GTGATGTGGC GGCGGATCCA1140 GTTCACGTAG GCAGGGACAC GAGTGTAGAC TCCCCGGCCT GTTGGGGCGG TCGC 50

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 560 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123
- 20 CAGAGAACGT TTGTCTGCCT GATGAGAGCC ACTTGGGTTA AGAAACTACC TGTGAATAGT 60
 CATCATTTCT GTCCTTCATT GGGGAATACT TTTAGAGGCC AGTTTCCAAA AATTCTGCTT120
 AAAAAAGAAT TCTGGTTTTG TCTTACTCTT CCAGATGAGA TATCACAGAG GCTTGGGCCT180
 AGATTGTCAT CAGCATACTG CTATACTATT CGTTTGTTCT TATTAAGCCT TATTGTGTGT240
 AATGCTGTTA CTTTTCAGA GTGTTGCGGA GATAGGAACA TGGGAGAGAA ACAATCTGGG300
 25 TAACATGAAA GTGATGCTGG TTGCTAAGGG AAGGCAACTT GATTCTGTGG GAAGGGCTGT360
 AGCTGATCCA TCCGTTGTCT AGATTTGAGT ATGAGCACAG TGGAAGAGGA TTCTGACACA420
 GTAACAGTAG AAACTGTGAA CTCTGTGGAC NTTGACTCAG GACACAGAAN GGGAATCTCA480
 TTCTTCACTG GCCTCAGGAA TTAGGGGGGT GNAATAGACT CAAGAGATAG TATTTAACCT540
 NNCCACATAA AAGGGTTTGT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 3770 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

30

35

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

	ATTCCGGAGC	GTTTGCGGCT	TCGCTTCATG	GCCGCTCTCC	CGCCCCTCCT	GGGATCTGTG 60
	GGGAGCTGGG	GAGCCCGCAG	CGGCCCGGAG	CCGGAGCTGG	CGAGCCGAGC	GGAGACCTGT 120
	GCGCCGCGCC	TCTGAGGCGC	AGCATGTGAA	GCGGAGACGG	CATCCAGTGG	GGGGCGAGCC 180
	TCTCAGCCGG	CCGGGATGGC	TACCACGGCC	GAGCTCTTCG	AGGAGCCTTT	TGTGGCAGAT 240
5	GAATATATTG	AACGTCTTGT	ATGGAGAACC	CCAGGAGGAG	GCTCTAGAGG	TGGACCTGAA 300
	GCTTTTGATC	CTAAAAGATT	ATTAGAAGAA	TTTGTAAATC	ATATTCAGGA	ACTCCAGATA 360
	ATGGATGAAA	GGATTCAGAG	GAAAGTAGAG	AAACTAGAGC	AACAATGTCA	GAAAGAAGCC 420
	AACCAATTTC	CCAAGAAGGT	ACAAGAGCTG	CACAAAACCA	ATCACCTTCC	CTTCCAACAT 480
	TERCORDITIO	TACATCACCA	CATTACCTAT	CHUMANAGCA	ATCAGGIIGC	CCTTGGAGAC 540
10	CACMMACACC	CCCTATACAC	CATTAGCTAT	GIAGCAACIA	AAGTCTGTCA	CCTTGGAGAC 540
10	CAGTTAGAGG	GGGTAAACAC	ACCCAGACAA	CGGGCAGTGG	AGGCTCAGAA	ATTGATGAAA 600
	TACTTTAATG	AGTTTCTAGA	TGGAGAATTG	AAATCTGATG	TTTTTACAAA	TTCTGAAAAG 660
	ATAAAGGAAG	CAGCAGACAT	CATTCAGAAG	TTGCACCTAA	TTGCCCAAGA	GTTACCTTTT 720
	GATAGATTTT	CAGAAGTTAA	ATCCAAAATT	GCAAGTAAAT	ACCATGATTT	AGAATGCCAG 780
	CTGATTCAGG	AGTTTACCAG	TGCTCAAAGA	AGAGGTGAAA	TCTCCAGAAT	GAGAGAAGTA 840
15	GCAGCAGTTT	TACTTCATTT	TAAGGGTTAT	TCCCATTGTG	TTGATGTTTA	TATAAAGCAG 900
	TGCCAGGAGG	GTGCTTATTT	GAGAAATGAT	ATATTTGAAG	ACGCTGGAAT	ACTCTGTCAA 960
	AGAGTGAACA	AACAAGTTGG	AGATATCTTC	AGTAATCCAG	AAACAGTCCT	GGCTAAACTT1020
	ATTCAAAATG	TATTTGAAAT	CAAACTACAG	AGTTTTGTGA	AAGAGCAGTT	AGAAGAATGT1080
	AGGAAGTCCG	ATGCAGAGCA	ATATCTCAAA	AATCTCTATC	ATCTCTATAC	AAGAACCACC1140
20	ΔΔΤΩΤΤΤΤΩ	CCAACCTCAT	GGAGTTTAAT	TTACCTACTC	ATTATATATAC	TTTCTTGTCT1200
20	AACCTTATCA	אתרכים	CATTTCCTAT	TTAGGIACIG	ATAMACAGAC	GGAGACTGGA1260
	MAGCIIAICA MAGCIIAICA	CCACAACTCC	CATTICCIAI	CACCCCTATE	ATATTGAGGT	GGAGACTGGA1260
	TATTTGAAAA	GCAGAAGTGC	TATGATCCTA	CAGCGCTATT	ATGATTCGAA	AAACCATCAA1320
	AAGAGATCCA	TTGGCACAGG	AGGTATTCAA	GATTTGAAGG	AAAGAATTAG	ACAGCGTACC1380
	AACTTACCAC	TTGGGCCAAG	TATCGATACT	CATGGGGAGA	CTTTTCTATC	CCAAGAAGTG1440
25	GTGGTTAATC	TTTTACAAGA	AACCAAACAA	GCCTTTGAAA	GATGTCATAG	GCTCTCTGAT1500
	CCTTCTGACT	TACCAAGGAA	TGCCTTCAGA	ATTTTTACCA	TTCTTGTGGA	ATTTTTATGT1560
	ATTGAGCATA	TTGATTATGC	TTTGGAAACA	GGACTTGCTG	GAATTCCCTC	TTCAGATTCT1620
	AGGAATGCAA	ATCTTTATTT	TTTGGACGTT	GTGCAACAGG	CCAATACTAT	TTTTCATCTT1680
	TTTGACAAAC	AGTTTAATGA	TCACCTTATG	CCACTAATAA	GCTCTTCTCC	TAAGTTATCT1740
30	GAATGCCTTC	AGAAGAAAA	AGAAATAATT	GAACAAATGG	AGATGAAATT	GGATACTGGC1800
	ATTGATAGGA	CATTAAATTG	TATGATTGGA	CAGATGAAGC	ATATTTTGGC	TGCAGAACAG1860
	AAGAAAACAG	ATTTTAAGCC	AGAAGATGAA	AACAATGTTT	TCATTCAATA	TACTAATGCC1920
	TGTGTAAAAG	TCTGTGCTTA	CCTAACAAAA	CAAGTGGAGA	ACAMMAAAAA	TTCCATGGAT1980
	GGGAAGAATG	TEGATACACT	TTTCATCCAA	CTTCCACTAC	CEMENCANCC	ACTTATCTAT2040
35	CACCATCTTC	CACAATATTC	CTACACTTCT	ATTCCCTCCCA	GITTICATCG	ACTTATCTAT2040
33	CCCCAATA	CCARCACAC	CIACAGIIGI	AIGGGTGGCA	TGTTGGCAAT	TTGTGATGTA2100
	GCCGAATATA	GGAAGTGTGC	CAAAGACTTC	AAGATTCCAA	TGGTATTACA	TCTTTTTGAT2160
	ACTOTGCATG	CTCTTTGCAA	TCTTCTGGTA	GTTGCCCCAG	ATAATTTAAA	GCAAGTCTGC2220
	TCAGGAGAAC	AACTTGCTAA	TCTGGACAAG	AATATACTTC	ACTCCTTCGT	ACAACTTCGT2280
	GCTGATTATA	GATCTGCCCG	CCTTGCTCGA	CACTTCAGCT	GAGATTGAAT	TTACAAAGGA2340
40	ATTCAGTGTC	AGTTCCTTTA	CAGAGGAATG	TCTTATACTT	CAGCAGCCCT	CGGTTGATAG2400
	AAAGCACAGG	AGATACCTTA	TGACACAGCC	AACATTTTGT	GAAACAATGA	CTGGAACAAA2460
	ACAGCAGCCA	TACTTACCTT	TGAGGTTTTA	TTTAAAGTTT	GGATACCACT	AGCTATATTT2520
	TGCTTTTTTC	CCCTCACATT	GAATTTTAAT	TCCATTCTTG	AATGTAGAAA	TTTCAGATTC2580
	TCTAAAACTA	CATGTCACTG	TTTTTATCCT	AGAAAATGTT	GCTGTCAGAA	GGCAAAGGAA2640
45	ATGTTACCAG	TGTTTTCGGT	TCTTGTACTT	TTAACATATT	CCATTTAGAA	ATTTTGCCAT2700
	TCTGTTTTCC	ATTAATAATA	GGTGAAATAC	AGGAAAACTA	CATTTGTTAT	TCCTCAGTTT2760
	TTAATGACCT	TTTCAGCATC	AATTGTTAAT	САСАТТАТТТ	TAGGTTTTCC	TAAATAATTT2820
	TTTTGCCTCT	TTCAAAAGGT	TAACAATTAA	GCATACTTTC	TCCACTTCCT	TGATTGGATT2880
	TTTTTTTCTCAG	GTACAGCATT	AATACTACTC	CANANANTCE	CATABACTO	ACTAAAATGA2940
50	TCAACTATTT	TATCTACACA	TTACCACTCC	AMOCCAAMA	CATAAACTGA	ACTAAAATGA2940
50	TOAACIAIII	ACTATIONACA	TIAGGAGIGG	AICGGAATAC	TTCTGCTTTC	TGGGTAAAAC3000
	TTAAAAGTTT	ACTATTTCTT	ATTTGGTAAA	TAGATTTTAA	GCCAATTCTA	GTAAGAAATT3060
	AATAAAACTA	CCTTATTTTG	TATTTCACTT	AAGGTGGAGG	ACCTTAACTA	AAGGACCATA3120
	TTTATTCATT	ATTTTAATAT	TATAAGGGAA	GTAAAAAAAA	GTGAGGTATA	GTCTAAATGG3180
	TGCATATAGG	AAATACTGAC	AGTGTTTAGC	AACATGCAGC	CCTTTGAGAT	TTCTGTCGTA3240
55	ATGCTAAACT	TGAATAAGAT	GGAATGGCTG	AACATGTGGT	TAGTCTTTTA	TTTTAAGAAG3300
	AATTGAGAAT	TGATAGATTT	GGAGATGAGC	TTTGCAAAGG	CTGTTTGCTT	TTCATGTCTA3360
	TAGGTCTGTC	ATTGTCCTTT	TTCAAAGCAT	TTCTGAAGTT	ATTCCTACTT	GGATATAGTT3420
	AATGGAATTG	GCTTAATTTG	ATGACATAAT	AAATCACTTA	TAAAATTTTA	AATATCAAGT3480
	GAAAATTTAG	AAAGGCCATT	ACTATTCTAT	AAACCTTATA	AACTTGCTCT	GGGAGAATGC3540
60	ATTCTAAATT	ATATATAGTG	TTTCACCTCC	CATTGTGGTG	TTCATAGTCT	TCTAGGAACA3600
	GATAAACTTA	AGTATTCAAT	TCACTCTTCC	CCATTTTTTC	CTTDACACAC	GGCTTTTTAG3660
	CCCATTTTTC	CCADACCTC		CACCAACCTT	DALECTO CHO	GTCATCCACT3720
	THEFT	CGTTCTAAGG	TCCACACCCM	ANCCCACCOR	CTCCCTTTTTC	
	TACCCAAAC	CGTICIAAGG	TCCAGAGGCT	AACCGAGGTA	CIGGTTTAGG	3770

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 3541 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

20

25

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

GCCAACCAGG GTCAGGCTGT GCTCACAGTT TCCTCTGGCG GCATGTAAAG GCTCCACAAA GGAGTTGGGA GTTCAAATGA GGCTGCTGCG GACGGCCTGA GGATGGACCC CAAGCCCTGG 120 ACCTGCCGAG CGTGGCACTG AGGCAGCGGC TGACGCTACT GTGAGGGAAA GAAGGTTGTG 180 AGCAGCCCCG CAGGACCCCT GGCCAGCCCT TCTGCCGGAG CCCTCTGTGG 240 AGGCAGAGCC AGTGAGGCAG GGCTGCTTGG CAGCCACCGG CCTGCAACTC 300 30 AGGAACCCCT CCAGAGGCCA TGGACAGGCT GCCCCGCTGA CGGCCAGGGT GAAGCATGTG 360 AGGAGCCGCC CCGGAGCCAA GCAGGAGGGA AGAGGCTTTC ATAGATTCTA TTCACAAAGA 420 ATAACCACCA TTTTGCAAGG ACCATGAGGC CACTGTGCGT GACATGCTGG TGGCTCGGAC 480 TGCTGGCTGC CATGGGAGCT GTTGCAGGCC AGGAGGACGG TTTTGAGGGC ACTGAGGAGG 540 35 GCTCGCCAAG AGAGTTCATT TACCTAAACA GGTACAAGCG GGCGGGCGAG TCCCAGGACA 600 AGTGCACCTA CACCTTCATT GTGCCCCAGC AGCGGGTCAC GGGTGCCATC TGCGTCAACT 660 CCAAGGAGCC TGAGGTGCTT CTGGAGAACC GAGTGCATAA GCAGGAGCTA GAGCTGCTCA 720 ACAATGAGCT GCTCAAGCAG AAGCGGCAGA TCGAGACGCT GCAGCAGCTG GTGGAGGTGG 780 ACGGCGGCAT TGTGAGCGAG GTGAAGCTGC TGCGCAAGGA GAGCCGCAAC ATGAACTCGC 840 40 GGGTCACGCA GCTCTACATG CAGCTCCTGC ACGAGATCAT CCGCAAGCGG GACAACGCGT 900 TGGAGCTCTC CCAGCTGGAG AACAGGATCC TGAACCAGAC AGCCGACATG CTGCAGCTGG 960 CCAGCAAGTA CAAGGACCTG GAGCACAAGT ACCAGCACCT GGCCACACCTG GCCCACAACC1020 AATCAGAGAT CATCGCGCAG TTGAGGAGCA CTGCCAGAGG GTGCCCTCGG CCAGGCCCGT1080 CCCCCAGCNA CCCCCGCTG CCCCGCCCCG GGTCTACCAA CCACCCACCT ACAACCGCAT1140 45 CATCAACCAG ATCTCTACCA ACGAGATCCA GAGTGACCAG AACCTGAAGG TGCTGCCACC1200 CCCTCTGCCC ACTATGCCCA CTCTCACCAG CCTCCCATCT TCCACCGACA AGCCGTCGGG1260 CCCATGGAGA GACTGCCTGC AGGCCCTGGA GGATGGCCAC GACACCAGCT CCATCTACCT1320 GGTGAAGCCG GAGAACACCA ACCGCCTCAT GCAGGTGTGG TGCGACCAGA GACACGACCC1380 CGGGGGCTGG ACCGTCATCC AGAGACGCCT GGATGGCTCT GTTAACTTCT TCAGGAACTG1440 GGAGACGTAC AAGCAAGGGT TTGGGAACAT TGATGGCGAA TACTGGCTGG GCCTGGAGAA1500 50 CATTTACTGG CTGACGAACC AAGGCAACTA CAAACTCCTG GTGACCATGG AGGACTGGTC1560 CGGCCGCAAA GTCTTTGCAG AATACGCCAG TTTCCGCCTG GAACCTGAGA GCGAGTATTA1620 TAAGCTGCGG CTGGGGCGCT ACCATGGCAA TGCGGGTGAC TCCTTTACAT GGCACAACGG1680 CAAGCAGTTC ACCACCCTGG ACAGAGATCA TGATGTCTAC ACAGGAAACT GTGCCCACTA1740 CCAGAAGGGA GGCTGGTGGT ATAACGCCTG TGCCCACTCC AACCTCAACG GGGTCTGGTA1800 55 CCGCGGGGGC CATTACCGGA GCCGCTACCA GGACGGAGTC TACTGGGCTG AGTTCCGAGG1860 AGGCTCTTAC TCACTCAAGA AAGTGGTGAT GATGATCCGA CCGAACCCCA ACACCTTCCA1920 CTAAGCCAGC TCCCCCTCCT GACCTCTCGT GGCCATTGCC AGGAGCCCAC CCTGGTCACG1980

```
CTGGCCACAG CACAAAGAAC AACTCCTCAC CAGTTCATCC TGAGGCTGGG AGGACCGGGA2040
     TGCTGGATTC TGTTTTCCGA AGTCACTGCA GCGGATGATG GAACTGAATC GATACGGTGT2100
     GGACTACAGA CAACTCTTTC TTTAAATAAA TTAAGTCTCT ACAATAAAAA CACAACTGCA2220
     AAGTACCTTC ATAATATACA TGTGTATGAG CCTCCCTTGT GCACGTATGT GTATACCACA2280
 5
     TATATATGCA TTTAGATATA CATCACATGT GATATATCTA GATCCATATA TAGGTTTGCC2340
     TTAGATACCT AAATACACAT ATATTCAGTT CTCAGATGTT GAAGCTGTCA CCAGCAGCTT2400
     TGCTCTTAGG AGAAAAGCAT TTCATTAGTG TTGTATTACT TGAGTCTAAG GGTAGATCAC2460
     AGACTGTGTG GTCTCAACTG AAAGGATCAC CCTTGGCATC TGTGTGCCTG GATTCTTCCA2520
     GAATGTCTAC AATGCTAATC TCTCACATAG AGGTTCCCAG CTTCTTAAGA ACCCCTTTTG2580
10
     GCACCTAATC AAATTTCAAA ATCCCTCCCC CCACATTTTC ATACTTTTCC CCATTCTCAG2640
     GACTTTTCAC CATCCATCAC CCACTTATCC CTTCATTTGA CACCATTCAT TAAGTGCCTT2700
     CTGTGTGTCA GTCCCTGGCC ACTCACTGCA GTTCAAGGCC CCCTTTCCGC TCTGCTGTAC2760
     TCCTCGCCTA CCTACTCCTT GCCTTTCTG TCGCACAGCC CCTTCTTTCC AGGCGAGATT2820
     CCTCAGCTTC TGAGTAGGAA ACACTCCGGG CTCCAGGTTT CTGGTTGGGA AGGGAAGGCC2880
15
     AGGCCAAAAG CTCCACCGGC CGTATAGATA ATGTACTCGC AGTTTTGTAT CTTCCATTCA2940
     TACTTTAACC TACAGGTCAT TTGAGTCTTC ACACAAATAA TAACCTATCT GGCCAGGAGA3000
     ATTATCTCAG AACAGAAGTC ATCAGATCAT CAGAGCCCCC AGATGGCTAC AGACCAGAGA3060
     AACAAGTGCC ACAAAAATGA AAACAGGCCA CTTCTCAGGA GTTGAATAAT CAGGGGTCAC3180
20
     CGGACCCCTT GGTTGATGCA CTGCAGCATG GTGGCTTTCT GAGTCCTGTT GGCCACCAAG3240
     TGTCAGCCTC AGCACTCCCG GGACTATTGC CAAGAAGGGG CAAGGGATGA GTCAAGAAGG3300
     TGAGACCCTT CCCGGTGGGC ACGTGGGCCA GGCTGTGTGA GATGTTGGAT GTTTGGTACT3360
     GTCCATGTCT GGGTGTGTGC CTATTACCTC AGCATTTCTC ACAAAGTGTA CCATGTAGCA3420
     TGTTTTGTGT ATATAAAAGG GAGGGTTTTT TTAAAAATAT ATTCCCAGAT TATCCTTGTA3480
25
     ATGACACGAA TCTGCAATAA AAGCCATCAG TGCTATTTGG ATGTAAAAAA AAAAAAAAAG3540
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2050 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

AGAAAAGTTT ATAAACCAAT TAAGGGAGAA AATAAAATTC AACTAGGCTT GCAGAATAAT 60
CAGTGGCAAT CATGAAATCC ACTTCCCAAT TTGGCCTACT TCCTTGTAGC TAGTTACTTC 120
TTACTCCCCC AAGATAGTGT AGCCCTTGTC ACAAGACTGT GTTCCTTTTC TTTTCTATAG 180
ATAAGATCTA AGGCACATGA GATGATATGC TTTCTGTTTG AGTTTCTCCT TTATGTTACG 240
CATACTGATA AAATTGTTGA TGCCAGTTGA TCTGAAGGTC CCAGCAAGGA GCCGACTCAC 300
AGAAGAATGA AGTTTTCACA TCATGATGAT TTAATCTTCC TTGACCTGAG CAATTGACAA 360

30

35

45

```
CCCCAATTCT CCAGAACCTC ACCCGCCACA ATCCCCTTAA AAACCCTGGC CCAGAACCCC 420
     TCAAGCAGAC AGATGTGAAG CTTGAGGATT CCTTCATCTC TTTGCCCAAT GGCATTGTGA 480
     TTATTAAACT CTTTTTCTGC TGCAGGGTCG GCCAGACAAG ATGGCGGCAG GAGGCAGTGG 540
     CGTTGGTGGG AAGCGCAGTC GAAAAGCGAT GCCGATTCTG GTTTCCTGGG GCTGCGGCCC 600
     ACTTCGGTGG ACCCAGCGCT GAGGCGGCGG CGGCGAGGCC CAAGAAATAA GAAGCGGGGC 660
     TGGCGGCGGC TTGCTCAGGA GCCGCTGGGG CTGGAGGTTG ACCAGTTCCT GGAAGACGTG 720
     CGGCTACAGG AGCGCACGAG CGGTGGCTTG TTGTCAGAGG CCCCAAATGA AAAACTCTTC 780
     TTCGTGGACA CTGGCTCCAA GGAAAAAGGG CTGACAAAGA AGAGAACCAA AGTCCAGAAG 840
     AAGTCACTGC TTCTCAAGAA ACCCCTTCGG GTTGACCTCA TCCTCGAGAA CACATCCAAA 900
     GTCCCTGCCC CCAAAGACGT CCTCGCCCAC CAGGTCCCCA ACGCCAAGAA GCTCAGGCGG 960
10
     AAGGAGCAGC TATGGGAGAA GCTGGCCAAG CAGGGCGAGC TGCCCCGGGA GGTGCGCAGG1020
     GCCCAGGCCC GGCTCCTCAA CCCTTCTGCA ACAAGGGCCA AGCCCGGGCC CCAGGACACC1080
     GTAGAGCGGC CCTTCTACGA CCTCTGGGCC TCAGACAACC CCCTGGACAG GCCGTTGGTT1140
     GGCCAGGATG AGTTTTTCCT GGAGCAGACC AAGAAGAAAG GAGTGAAGCG GCCAGCACGC1200
     CTGCACACCA AGCCGTCCCA GGCGCCCGCC GTGGAGGTGG CGCCTGCCGG AGCTTCCTAC1260
     AATCCATCCT TTGAAGACCA CCAGACCCTG CTCTCAGCGG CCCACGAGGT GGAGTTGCAG1320
     CGGCAGAAGG AGGCGGAGAA GCTGGAGCGG CAGCTGGCCC TGCCCGCCAC GGAGCAGGCC1380
     GCCACCCAGG AGTCCACATT CCAGGAGCTG TGCAAGGGGC TGCTGGAGGA GTCGGATGGT1440
     GAGGGGGAGC CAGGCCAGGG CGAGGGGCCG GACGGTGGGG ATGCCGAGGT CTGTCCCACG1500
     CCCGCCCGCC TGGCCACCAC AGAGAAGAAG ACGGAGCAGC AGCGGCGGCG GGAGAAGGCT1560
20
     GTGCACAGGC TGCGGGTACA GCAGGCCGCG TTGCGGGCCG CCCGGCTCCG GCACCAGGAG1620
     CTGTTCCCGC TGCGCGGGAT CAAGGCCCAG GTGGCCCTGA GGCTGGCGGA GCTGGCGCGG1680
     CGGCAGAGGC GGCGGCAGGC GCGGGGGAG GCTGAGGCTG ACAAGCCCCG AAGGCTGGGA1740
     CGGCTCAAGT ACCAGGCACC TGACATCGAC GTGCAGCTGA GCTCGGAGCT GACAGACTCG1800
     CTCAGGACCC TGAAGCCCGA GGGCAACATC CTTCGAGACC GGTTCAAGAG CTTCCAGAGG1860
25
     AGGAATATGA TCGAGCCTCG AGAGAGAGCC AAGTTCAAAC GCAAGTACAA GGTGAAGCTG1920
     GTGGAGAAGC GGGCGTTCCG TGAGATCCAG TTGTAGCTGC CATCAGATGC CGGAGACTCG1980
     30
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 3968 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

35

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127
- 55 GGTATTTCTA AAACATAAAG AGGAGAATTA AGTCAGCTGC AGAACAATGG GGCTGATTCT 60
 TCTGCTTTTT CTCTGGAAAA TCTTTCATTG CTTTTGGTGG AAACTAACCT AGAGGTTACA 120
 ACCACAGGAT GTAGCTTGGT CTCTTATTTG CCTTTTTGGG AAACCAATTA AGATTAATAC 180
 AGGATAAAGG AAAAAAGCAA TCTATTCATT ATATAACACA GTTGTTTGTA TTACTTGTTC 240

	CCTGCAAAGG	ስ ስ ስጥርጥር ጥጥ ር	N N T C T T T C T	MMMM C		
	A A A A CCCTTC	TTDTCCTCCA	CCDCCDDDDD	TITTGAATTC	TTTTCTAATA	GAACAACCAA 300
	ATTACOUTION ATTACA	DACACCCCA	GCAGGAAAAA	AGATCATTTT	TATAGCTTTG	CATTCTTAAC 360
•	TCACAMCAMC	AAGAGCGGCA	TGAATTAGAG	GAAAGACATG	GAACACACAG	GTAGTCGGTT 420
	IGAGATCATC	GGCTTAAAAG	TATCCTAGGA	TGGTAATGAC	CCAGAAGTAT	TTCCAGTTGT 480
5	CTAGTGGTGT	GGTATGCAGG	AATGAGAAGT	GTTTTCTTTC	CATTTCCTGT	TGGACAGGTG 540
	GCAATCTTAG	CAGAGCCACT	ATTTGGAGTT	GATAACTAAA	GATGCAAATA	ACATGACTAT 600
	GCCTTCTGGT	CATCCTAGGA	CTATTTGGAG	TTCTCCAAAA	CCTTGTAAGA	GGCATGTCAG 660
	GCATGCAGTA	AAAGCATCTA	CAACTTCAGC	TGGGCACTGG	CAGCATAGGT	CTCATCTTCC 720
	ACCATACAGT	CCCACTTTAT	AGAAGAGGGT	GGAAGTTCTC	CAAAACAATA	TCCACAACAA 780
10	AGTCTGACCT	CACTCTGAGG	GAGATGGGAA	GTGGGAGGAA	GAAGGACTAA	CCAGCTCCCT 840
	GGAGTAAGAG	GAATTTGCTT	TCCCTGTCTG	CCCACCAGGG	GCTATATGTG	CCACCTTTCA 900
	GGTTGGGGCC	AAGGAAGTGA	TGTCAGTGTG	ACAGAAGGGA	GAGTTAGACC	TCCAGACGTC 960
	AGCCTCCCTC	CCATGGGGTA	CATTTTCAAT	CTGAGTGTTG	TTCCCTTACC	TGTGTTGGTA1020
	TTAGCTTGAT	TGGTTGGTCC	GCTGGTTATG	AGGTGTAGGC	ACCCA CTTTT	TGTTTAGTTT1080
15	TTAGGACTTT	GCCTCTTCCT	TTGTCCTTAG	CATAATTTCT	ACCCACACCA	TCCACGAAGT1140
	СССТТТТСАТ	TGCCAGCTCA	ACACCCACAA	TCATAATITCI	AGGCAGAGCA	TATGTTAGGT1140
	GCCTTATGTA	TATTATCCCA	AGAGCGACAA	TCATTIACGA	GITCCTATGT	TATGTTAGGT1200 GGAATATAAA1260
	TCANANACCT	CATTALCCCA	AATCCACTGC	AIGGITTAAA	TACAGGCACT	GGAATATAAA1260
	ACTITICCCCT	TARTACAGIC	TCDARCTITC	TGCAGGACCT	TAAACATTTC	TCTTTCCACA1320
20	ATCTCCATA	CCCTTCCCAT	TCAAACCTCT	CTTCCTGACG	GGAATGTTGT	GCTATAATGA1380
20	ATCIGCATAA	CGCTTGGGAT	TCTAGGAGGA	AGGAAGGTTC	CATGGACATG	TAAGTACAGC1440
	ATATTCCCCT	CAGTUTTUTA	GGAGGGCAGA	GTGAATCCCA	GAACTGGTAA	GATTGGGAAT1500
	CTGAGCATTG	CCACTTTAAT	CTTAGAATAT	TTATCATTTT	GACACATCCT	GTTTTTTAGA1560
	GAGGAAAACA	AACACAGTTT	CTGCATTGGT	AGTGTAAAGC	ATACCTTGTT	AGGAACGTGT1620
	TTTGTAAGAC	ACATTTGGGT	TGTCATTCTA	GAGCATGTCA	AACTTTGTAC	TTCAAAATAT1680
25	ATTTAGTATG	ATTGTTAGTG	GTAACATATA	TCAAGGCTTT	GAATTAACTG	ፕ ሞሞፕልሞሞፕልአ 1 7 4 0
	TTTTCACAAG	AAGCACTTAT	TTTAGCCATA	GGAAAACCAA	TCTGAGCTAC	AAATACTTCT1800
	TTAAAATAAG	CCCAGGTTAT	TTAGCTATTC	TAGAAAGTGC	CGACTTCTTT	CAAGAAGCAG1860
	GCATTGTAGG	ACAGCTGAGA	ATTATCACAT	AGCCTAAATT	CTAGCCTGGC	AGCAAGAGTC1920
	ACATCTGAGA	TGTCCAAAAA	AAAAAAAAA	AAACACCTGA	TCTACATTGA	AAGGGGGTAG1980
30	ACTAACGTAT	GTGAGACCAT	TTTCCTATTT	GCAGTTACAA	GGTTAAAGAA	CTTTCAACCT2040
	CATTCGGCTG	CTAAGAGGCA	TGTCGAACAC	TCTGTGTGGC	TCTTTCACAG	TAAACCCTCC2100
	TAAGAGCAGA	AGACACATGG	CTGTTAGTGT	CTGCGTTTAG	בייים אייים	TCAAATAAAG2160
	GCCCTTGGCT	GCGTATCATT	TCATCCAGTT	ATAAACTAGG	GCTCCTCCAA	GCACCCCCAT2220
	TCTAAGGGTG	AATTATTGAA	ATCAGTTGCT	ATTTGATGAG	TCACAACTCC	CCCAGCAGGC2280
35	AGGGCATTTG	AAGTCATGGT	CATCAAAAAG	AAATCATTCT	TURUMACIGG	GCTAAATGCT2340
	TAAAATGCTT	CTAGAGGGAA	GTCGTGGGGC	CTCTCCTCAT	TOTOTOTA	ATCAGGGTTG2400
	TTGAGTTTGT	TTTTDDDACAT	TTTTNTNTNCT	TCATCACAAA	ICICITTAAA	ATCAGGGTTG2400 ATTCTAAGAA2460
	CCAACACTGT	ATTCCCACAA	ACATCACCCT	CCCTCCTCTT	AAATATATAA	ATTCTAAGAA2460 ATCATTGGAC2520
	TCTGGGGGAC	ACAAACATCC	CTCTCACACC	CGCTGGTCTT	GGGTCCACAT	ATCATTGGAC2520
40	CTCCCAAAAA	CCACAAGAIGC	ATTICTOR	TIGGIGITGC	CGAGTTAGTC	AACAATTATT2580
40	CIGGGAAAAA	GCAGAATTGA	ATTOTTOTOT	AGATGTCCTA	CCAGGGTTGG	CCAAGGGCCA2.640
	CAAAGCAGGC	TAATAAATTC	CCACAGGATC	CAGACACCAG	GCAAAATTGC	TCTAAGAAGC2700
	CAGTTACTGT	CATCCCTCTA	TGGTTCTAGA	AAAAATAGTA	CAAAAATGAC	AGGTCATCCT2760
	ATGAGCGTCA	TGCCAATGAA	ACCCCATCTT	CTGGAGAAGC	CCTTGAATCA	GAATTATCTT2820
	TTTTCTTGAT	GTCGTCAGAT	GCAGCCAGTT	TCTTAATTTT	TTTAAAAAACT	GTATGTTTCT2880
45	GTGGTATGTA	TATTTGTACA	CCTAACTACC	TGGCACTTGG	AAATCACAGC	ACTACTCAGA2940
	GGCAATTGAA	TAAAGAGAAA	TTTAATTTTA	AATATCAAGT	CCTGTCAAAC	Δ ΤΤΤΟΤΟΔΔΔ 3000
	CTTCTGATTT	TATCAAAGGT	TTGCCAGCCA	ATAAAGTGCA	TCCCAAGTAT	ACAGGGGAGA3060
	AAGCTAGACT	CCTACAGGGT	CCTAGAGTTT	AAGTAATTTT	TTTGTTATTA	ATATACCTAA3120
	TAATTTTTCT	AATTTTTATT	TTTTGGTTCC	AAATGTAAAG	CTCCTTGTGT	TTACCTCTGT3180
50	TTATGTCATT	CTTGACATGT	TTATCTAAAT	TATGTGTGCT	CTGTGACAGG	TGAAATGTAA3240
	ATCTGGGATC	CATAGTCAAG	ATATCATAAG	GACCTACTTC	CCAGCCTACC	TTTCTTCCTC3300
	TACCTGATAA	TGATAATACT	CAAAATAACA	ACATTCAAAG	CANACACAAA	GAAATCCTGC3360
*	TTTCACATCT	CCTATTTCTT	GGGCTCCTTA	ATAACTACTG	ATCCTTTCTT	CATGAAAAAA3420
	AATTTTTAAA	TCAAAAGATT	GTACTTGGCC	CTCACTACIA	TIOUIIIOUTA A A A A A A A A A A A A A A A A A A	AAATCAAAAG3480
55	TTTGTACTTG	GCCCTGAGTT	CAAAAAAAAA	ATTCACATIONA ATTCACATIONA	TARALITURA	CAGAAAAATG3540
	TTCTTCTTC	AACTAAAGII	CAAAAAAAAAA	ACTICACATTC	TAAGAATAAA	CAGAAAAATG3540
	CACCCAACAA	CTCACACAAA	CAAAAGCCAT	AGTGTTTTCA	TTTGTCTTTT	CTTCAGGATA3600
	ACARCOCTAGAA	GICAGAGAAT	CTTTGATACT	TTTATTTGGT	GCAATAATCA	AGGCCATGCA3660
	ACAACCCAAA	ATCAAGCATT	TTGGTTCAAG	TCAGGATGAC	ATGAGTGGGG	ACAGAAGCTG3720
	TGGCAGTCAT	TCAAATAATC	TCATGGGTCC	TGAGGAAAAG	ACAGGAGTTA	ACGTATTAAG3780
60	TTTCTACTAT	ATGCAGGAAC	TGTGTTAAAT	ATTTTACATA	AGTTTTGATA	ATAGCTAACA3840
	TTAGCTGAGC	ACAAAATTTG	GGCCCTGATT	TGTGCTGAGT	ATCTTTCACA	GATTACTGCT3900
	TTTAATCAGC	AGTCCTTGTG	AGCTAGGTAT	GATCATTATC	CCCATTTATA	GATTACGGAT3960
	GAGATTCG					3968

5

10

15

30

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 329 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

20 DSIFPLWAVL ALSPPGIRVR MKKSSVSGMT AAGWVVWGEA EGKAALRLGV EFLEVWGGGR 60
VFNLEKSQPA RAERECERGS SEGARNGVGG SGGRSVAVAL VHQHGVRLLG DLQQRVHVGA120
APAPQVAGLP PLRAALVVVG AHLHHLGGLE HFHLALADLL DVEGEGWHLV DRGLGARVHH180
VVGREGFAQL VPRRLQFLAP LGGHQARAQL VHALLQGVPR LLQVFLGLEA RLLQVLAGTH240
LGLLHLLLGE GLLEVVHAPQ ALRLIRSARD SSITSSTSTA SSDESSAAA SSGRSPSPS300
25 SSPSFSGSAS DSFSDLLMLS LAGSFTSSW 329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSLER120
QAGQIKKLEV NEAELLRRN FKVMIYQDEV KLPAKLSISK SLKESEALPE KEGEELGEGE180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 250 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:
15	KSRRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60 EGLLQGEDGE DQGAYPREPG EDAPQDQGKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120 AGQVAQILHA RPRGVRALQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHRDGG GGRRRRGRR180 GAGGGRRPAA REQPRRARAA GDHRGVGRRA GGQERQRLSG PRCHPPHSSL LPNFLFRILS240 RLELAEIFLN
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:
25	(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:
40	RPRPWFSAQR RGVAAGPHEP PSVLVRVSPS FATSRGCAGN WVSLPSGEKP RLWDEDRAPA 60 REGKVPGCVL SGPALLQDTR WGPCALAGGR LQPPRPNVTF THSLSSCPPV TPSPPSPSSH120 HPFRSARAFP EASCDSGRGD TSLRGRPHGV TRPAPMRIRP PLHLGALAAR FPLTPLFRVL180 LNSG
4.5	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:
45	(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
50	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja

```
(vi) HERKUNFT:
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
 5
       (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:
     VKVTLGRGGC NLPPARAQGP QRVSCNNAGP ERTQPGTFPS LAGARSSSHR RGFSPDGRLT 60
     QLPAQPRLVA KLGETRTRTD GGSWGPAATP LRWAENQGLG RHPPRAFLLT TGPKSGSMQG120
     SAWASTPAGP PDPRAKAVGG TKPRATRGHL HHPLGQGWLR GTLVSPEDTG GL
10
    (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:
          (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
          (B) TYP: Protein
15
          (C) STRANG: einzel
          (D) TOPOLOGIE: linear
      (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
20
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
      (vi) HERKUNFT:
25
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:
     LGSRREQKGP GRMTAQALVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPRL CGQLGQPPVR 60
30
     REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLHSQSEFL120
     SACHALTTLP FQPPPFPFRS GLPRSVL
    (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:
35
          (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
          (B) TYP: Protein
          (C) STRANG: einzel
          (D) TOPOLOGIE: linear
40
      (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
45
      (vi) HERKUNFT:
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:
50
     QRTFVCLMRA TWVKKLPVNS HHFCPSLGNT FRGQFPKILL KKEFWFCLTL PDEISQRLGP 60
     RLSSAYCYTI RLFLLSLIVC NAVTFSECCG DRNMGEKQSG
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

```
(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
          (B) TYP: Protein
          (C) STRANG: einzel
          (D) TOPOLOGIE: linear
      (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
10
      (vi) HERKUNFT:
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
15
      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:
     RMRFPFCVLS QXPQSSQFLL LLCQNPLPLC SYSNLDNGWI SYSPSHRIKL PSLSNQHHFH60
     VTQIVSLPCS YLRNTLKK
20
    (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:
          (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
          (B) TYP: Protein
25
          (C) STRANG: einzel
          (D) TOPOLOGIE: linear
      (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
30
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
      (vi) HERKUNFT:
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
35
      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:
     FLRPVKNEIP XLCPESXSTE FTVSTVTVSE SSSTVLILKS RQRMDQLQPF PQNQVAFP
40
    (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:
          (A) LÄNGE: 728 Aminosäuren
          (B) TYP: Protein
45
          (C) STRANG: einzel
          (D) TOPOLOGIE: linear
      (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
50
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
```

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

GAACEAETAS SGGRASQPAG MATTAELFEE PFVADEYIER LVWRTPGGGS RGGPEAFDPK 60
RLLEEFVNHI QELQIMDERI QRKVEKLEQQ CQKEAKEFAK KVQELQKSNQ VAFQHFQELD120
EHISYVATKV CHLGDQLEGV NTPRQRAVEA QKLMKYFNEF LDGELKSDVF TNSEKIKEAA180
DIIQKLHLIA QELPFDRFSE VKSKIASKYH DLECQLIQEF TSAQRRGEIS RMREVAAVLL240
HFKGYSHCVD VYIKQCQEGA YLRNDIFEDA GILCQRVNKQ VGDIFSNPET VLAKLIQNVF300
EIKLQSFVKE QLEECRKSDA EQYLKNLYDL YTRTTNLSSK LMEFNLGTDK QTFLSKLIKS360
IFISYLENYI EVETGYLKSR SAMILQRYYD SKNHQKRSIG TGGIQDLKER IRQRTNLPLG420
PSIDTHGETF LSQEVVVNLL QETKQAFERC HRLSDPSDLP RNAFRIFTIL VEFLCIEHID480
KKEIIEQMEM KLDTGIDRTL NCMIGQMKHI LAAEQKKTDF KPEDENNVLI QYTNACVKVC600
AYVRKQVEKI KNSMDGKNVD TVLMELGVRF HRLIYEHLRQ YSYSCMGGML AICDVAEYRK660
CAKDFKIPMV LHLFDTLHAL CNLLVVAPDN LKQVCSGEQL ANLDKNILHS FVQLRADYRS720
ARLARHFS

20

25

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

RKELDSVPTY HLGQVSILMG RLFYPKKWWL IFYKKPNKPL KDVIGSLILL TYQGMPSEFL 60
40 PFLWNFYVLS ILIMLWKQDL LEFPLQILGM QIFIFWTLCN RPILFFIFLT NSLMITLCH 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

5 YHWNLEVFGT LPIFGYITNC QHATHTTVGI LSKMLIDKSM KTYSKFHQNC IHILPIHGIF 60 NLLHLFSYVS TDFYTGISIL NQNIVFIFWL KICFLLFCSQ NMLHLSNHTI 110

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:
- (A) LÄNGE: 398 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

AAQAEAADRD AAAAGGGGRR HCERGEAAAQ GEPQHELAGH AALHAAPARD HPQAGQRVGA 60
LPAGEQDPEP DSRHAAAGQQ VQGPGAQVPA PGHTGPQPIR DHRAVEEHCQ RVPSARPVPQ120
XPPAAPPRVY QPPTYNRIIN QISTNEIQSD QNLKVLPPPL PTMPTLTSLP SSTDKPSGPW180
RDCLQALEDG HDTSSIYLVK PENTNRLMQV WCDQRHDPGG WTVIQRRLDG SVNFFRNWET240
YKQGFGNIDG EYWLGLENIY WLTNQGNYKL LVTMEDWSGR KVFAEYASFR LEPESEYYKL300
RLGRYHGNAG DSFTWHNGKQ FTTLDRDHDV YTGNCAHYQK GGWWYNACAH SNLNGVWYRG360
GHYRSRYQDG VYWAEFRGGS YSLKKVVMMI RPNPNTFH

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

35

25

10

- (A) LÄNGE: 338 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

VRASSELSPV DSVLVAAPVM APAVPDPVEV GVGTGVIPPA SLLVVGTVSC VDIMISVQGG 60 ELLAVVPCKG VTRIAMVAPQ PQLIILALRF QAETGVFCKD FAAGPVLHGH QEFVVALVRQ120 PVNVLQAQPV FAINVPKPLL VRLPVPEEVN RAIQASLDDG PAPGVVSLVA PHLHEAVGVL180

```
RLHQVDGAGV VAILQGLQAV SPWARRLVGG RWEAGESGHS GQRGWQHLQV LVTLDLVGRD240
LVDDAVVGGW LVDPGRGSGG XLGDGPGRGH PLAVLLNCAM ISDWLWASVA RCWYLCSRSL300
YLLASCSMSA VWFRILFSSW ESSNALSRLR MISCRSCM 338
```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 260 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

ILFTKNNHHF ARTMRPLCVT CWWLGLLAAM GAVAGQEDGF EGTEEGSPRE FIYLNRYKRA 60
GESQDKCTYT FIVPQQRVTG AICVNSKEPE VLLENRVHKQ ELELLNNELL KQKRQIETLQ120
QLVEVDGGIV SEVKLRKES RNMNSRVTQL YMQLLHEIIR KRDNALELSQ LENRILNQTA180
DMLQLASKYK DLEHKYQHLA TLAHNQSEII AQLRSTARGC PRPGPSPSXP PLPRPGSTNH240
PPTTASSTRS LPTRSRVTRT 260

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

30

- (A) LÄNGE: 491 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

LLNSFSAAGS ARQDGGRRQW RWWEAQSKSD ADSGFLGLRP TSVDPALRRR RRGPRNKKRG 60
WRRLAQEPLG LEVDQFLEDV RLQERTSGGL LSEAPNEKLF FVDTGSKEKG LTKKRTKVQK120
KSLLLKKPLR VDLILENTSK VPAPKDVLAH QVPNAKKLRR KEQLWEKLAK QGELPREVRR180
AQARLLNPSA TRAKPGPQDT VERPFYDLWA SDNPLDRPLV GQDEFFLEQT KKKGVKRPAR240
LHTKPSQAPA VEVAPAGASY NPSFEDHQTL LSAAHEVELQ RQKEAEKLER QLALPATEQA300
ATQESTFQEL CKGLLEESDG EGEPGQGEGP DGGDAEVCPT PARLATTEKK TEQQRRREKA360
VHRLRVQQAA LRAARLRHQE LFPLRGIKAQ VALRLAELAR RQRRQARRE AEADKPRRLG420
RLKYQAPDID VQLSSELTDS LRTLKPEGNI LRDRFKSFQR RNMIEPRERA KFKRKYKVKL480

!SDOCID: <WO___9954353A2_I_>

```
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:
           (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren
 5
           (B) TYP: Protein
           (C) STRANG: einzel
           (D) TOPOLOGIE: linear
       (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
10
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
       (vi) HERKUNFT:
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
15
       (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:
20
      RSRAALFFLF FFFSARRDFL LKGESPASDG SYNWISRNAR FSTSFTLYLR LNLALSRGSI 60
      IFLLWKLLNR SRRMLPSGFR VLSESVSSEL SCTSMSGAWY LSRPSLRGLS ASASRRACRR120
      LCRRASSASL RATWALIPRS GNSSWCRSRA ARNAACCTRS LCTAFSRRRC CSVFFSVVAR180
      RAGVGQTSAS PPSGPSPWPG SPSPSDSSSS PLHSSWNVDS WVAACSVAGR ASCRSSFSAS240
      FCRCNSTSWA AESRVWWSSK DGL
25
     (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:
          (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
          (B) TYP: Protein
          (C) STRANG: einzel
30
          (D) TOPOLOGIE: linear
       (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
35
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
      (vi) HERKUNFT:
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
40
      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:
     WQLQLDLTER PLLHQLHLVL AFELGSLSRL DHIPPLEALE PVSKDVALGL QGPERVCQLR 60
     AQLHVDVRCL VLEPSQPSGL VSLSLPPRLP PPLPPRQLRQ PQGHLGLDPA QREQLLVPEP120
45
     GGPQRGLLYP QPVHSLLPPP LLLRLLLCGG QAGGRGTDLG IPTVRPLALA WLPLTIRLLQ180
     QPLAQLLECG LLGGGLLRGG QGQLPLQLLR LLLPLQLHLV GR
    (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:
50
          (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
          (B) TYP: Protein
```

(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
10	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:
15	YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVCFCGM YICTPNYLAL 60 GNHSTTQRQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTSD FIKGLPANKV HPKYTGEKAR LLQGPRV 117
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:
20	(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
25	(iii) HYPOTHETISCH: ja
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:
35	STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPQSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKM60 TGHPMSVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:
40	(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
45	(iii) HYPOTHETISCH: ja
50	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

ITKAIVFSFV FSSGYTVEVR ESLILLFGAI IKAMQQPKIK HFGSSQDDMS GDRSCGSHSN60 NLMGPEEKTG VNVLSFYYMQ ELC 83

Patentansprüche

- 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No 1-20 und
 Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1-62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
- BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1-62
 Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

- 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geigneter Promotor ist.
- 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
 - 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 15.Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem <u>E. coli</u> und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

5

10

15

20

25

5

10

25

30

35

40

- 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID Nos. 1-62 und Seq. ID Nos. 121 127 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
- 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 63-117 und und Seq. ID Nos. 131-151.
- 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
 - 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
 - 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und und Seq. ID Nos. 131-151, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.
- 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID No. 121 bis Seq. ID No. 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können.
 - 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-20 und Seq. ID Nos. 121 127 in sense oder antisense Form.
- 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Uterustumor.

45

- 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.
- 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151.
- 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID No. 121 bis Seq.ID No. 127.
- 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
 - 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
 - 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

30

35

5

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

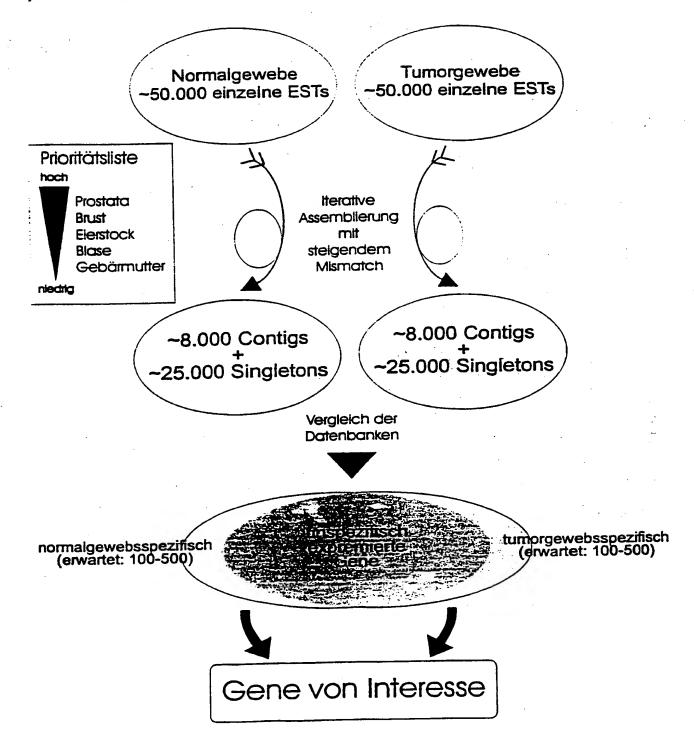


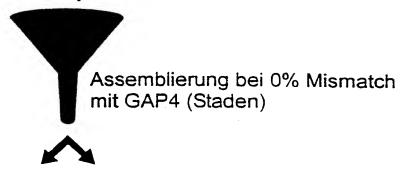
Fig. 1

PCT/DE99/01175

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe



Contigs

Singletons

In Anzahl und Länge zunehmende Contigs Iterative Assemblierung mit steigendem Mismatch (1%,2%,4%)

5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensussequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

Fig. 2b1

GAP4-Datenbank 3:

Singletons 3

Contigs 3

nicht

assemblierte ESTs

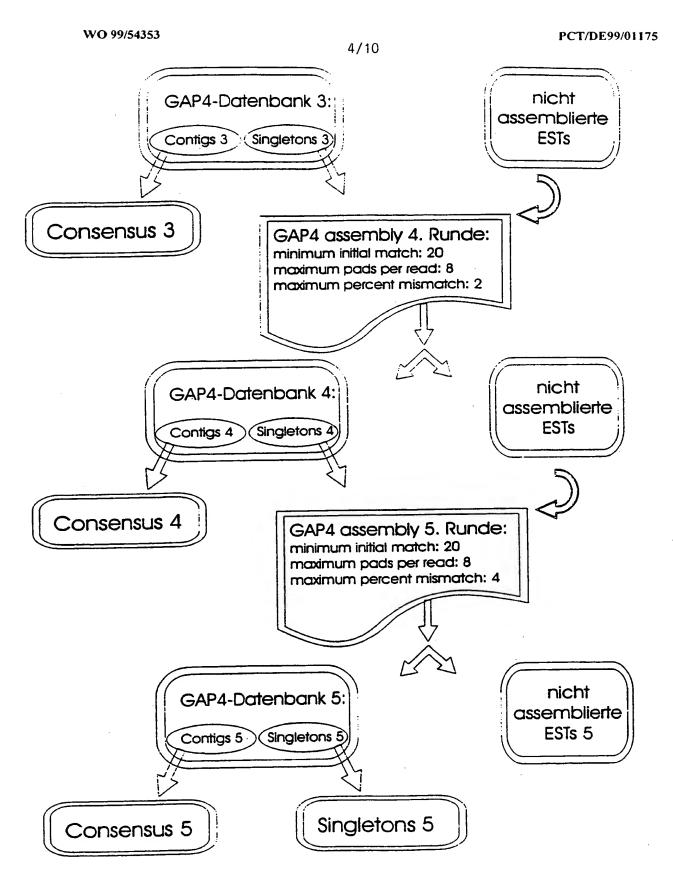


Fig. 2b2

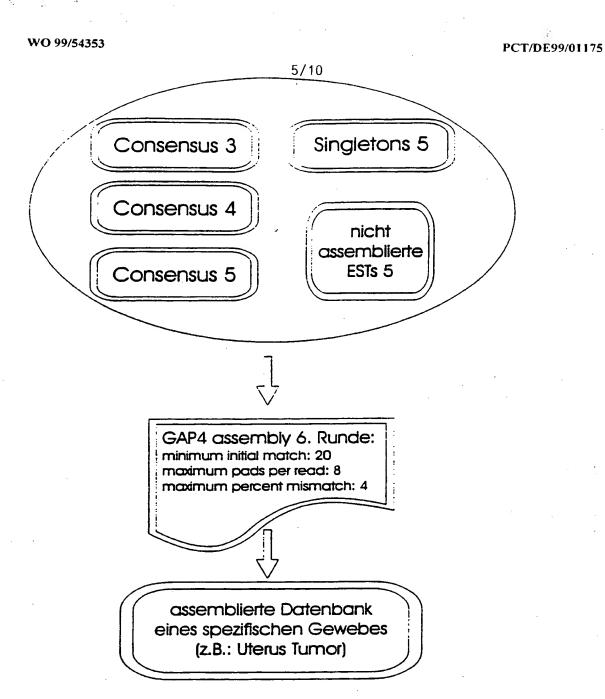


Fig. 2b3

Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen Assemblierung bei 4% Mismatch Krebsgewebe Spezifische Gene Krebsgewebe In beiden Geweben expremierte Gene ~30.000 Konsensussequenzen Normalgewebe Spezifische Gene Normalgewebe

Fig. 3

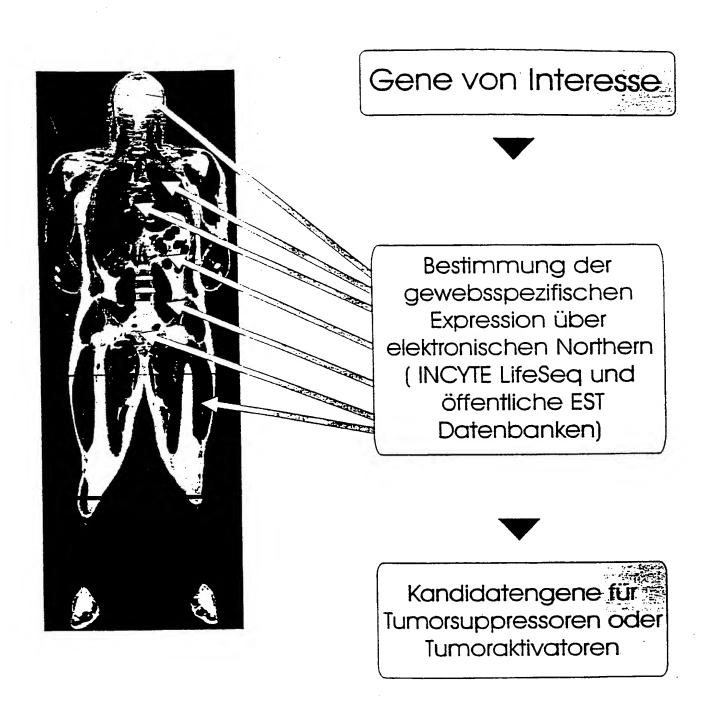


Fig. 4a

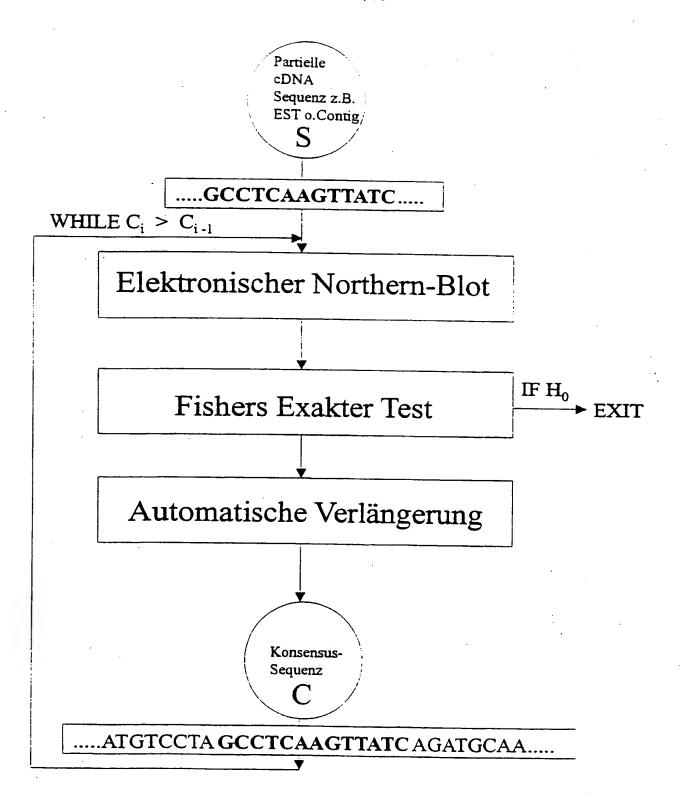
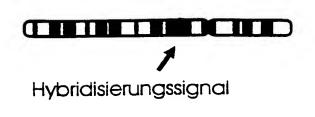


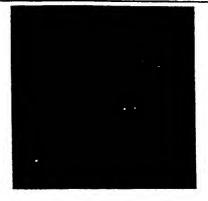
Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH





Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6: C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00

A3

WO 99/54353 (11) Internationale Veröffentlichungsnummer:

(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:

28. Oktober 1999 (28.10.99)

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/DE99/01175

(22) Internationales Anmeldedatum:

15. April 1999 (15.04.99)

(30) Prioritätsdaten:

198 17 946.4

17. April 1998 (17.04.98)

DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

Veröffentlicht

Mit internationalem Recherchenbericht.

(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts: 20. Juli 2000 (20.07.00)

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL UTERUS TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS UTERUSNORMALGEWEBE

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben IN SILICO SUBTRACTION OF GENE EXPRESSION IN VARIOUS TISSUES



(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of normal uterus tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland		Republik Mazedonien	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ.	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côle d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neusceland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun	•	Korea	PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	· KZ	Kasachstan	RO	Rumānien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE		LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland	LIN	Liberia		o		

Interna al Application No PCT/DE 99/01175

				PCI/UE	99/011/5
IPC 6	C12N15/12 C07K14/47 C07K1 C12N15/10 C12N15/62 C12N1 G01N33/68 A61K38/17 A61K4	L5/70 18/00	C12N1/2 C12N15/		12N5/10 12Q1/68
	SEARCHED			· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	
Minimum doo IPC 6	cumentation searched (classification system followed by classif C12N C07K C12Q	fication symbo	s)		
Documentati	ion searched other than minimum documentation to the extent t	that such docu	ments are inclu	ded in the field	ds searched
Electronic da	ata base consulted during the international search (name of dat	ta base and, w	here practical,	search terms u	used)
C. DOCUME	ENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT			*	
Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of th	ne relevant pas	sages		Relevant to claim No.
X	HILLIER, L., ET AL.: "the Was project - unpublished" EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 7 September 1996 (1996-09-07), heidelberg, germany accession no.AA044253				1,2, 5-10,14, 15,23, 24,26, 34,38
X .	HILLIER, L., ET AL.: "the Was project 1997" EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 14 May 1997 (1997-05-14), XPOO heidelberg, germany accession no.AA418945				1,2, 5-10,14, 15,23, 24,26, 34,38
	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		Debendéncile.		
	her documents are listed in the continuation of box C.	×	ratent family	members are li	sted in annex.
A docume consid *E* earlier of filing d *L* docume which citation *O* docume other n *P* docume	ent defining the general state of the art which is not bered to be of particular relevance document but published on or after the international date ent which may throw doubts on priority claim(s) or is cited to establish the publication date of another n or other special reason (as specified) ent referring to an oral disclosure, use, exhibition or means ent published prior to the international filing date but han the priority date claimed	or cit	priority date an ed to understan ention ument of partici not be conside olve an invention ument of partici not be conside current is comb	d not in conflict d the principle utar relevance; cred novel or cove atep when the utar relevance; cred to involve pined with one contained to involve pined with one contained to involve pined with one	e international filing date twith the application but or theory underlying the the claimed invention annot be considered to ne document is taken alone the claimed invention an inventive step when the or more other such docu- obvious to a person skilled atent family
Date of the	actual completion of the international search	Dat	e of mailing of		al search report
3	February 2000			0 8. 05	2000
Name and n	mailing address of the ISA European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016	Aut	horized officer	f, S	

Interna .al Application No PCT/DE 99/01175

		PC1/DE 99/011/5		
Category *	ation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.		
July 901 y				
X	HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project 1997" EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 11 June 1997 (1997-06-11), XP002129531 heidelberg, germany accession no. AA451994	1,2, 5-10,14, 15,23, 24,26, 34,38		
Α	CRESCENZI, E., ET AL.: "identification of differentially expressed mRNAs in normal and neoplastiic (adenocarcinoma) human endometrium" GYNECOLOGIC ONCOLOGY, vol. 63, November 1996 (1996-11), pages 228-233, XP000874036 the whole document	1-38		
Α	WANG, Y. AND MIKSICEK, R.J.: "characterization of estrogen receptor cDNAs of human uterus: identification of a novel PvuII polymorphism" MOLECULAR AND CELLULAR ENDOCRINOLOGY, vol. 101, 1994, pages 101-110, XP000874034 the whole document	1-38		
A	WO 93 24655 A (AMERSHAM INT PLC ;CHENCHIK ALEXANDER ANATOLJEVIC (RU); DIACHENKO L) 9 December 1993 (1993-12-09) the whole document	1-38		
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 23, 1995, page 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 cited in the application the whole document	1-38		
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH., vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 cited in the application the whole document	1-38		
А	FAR N M R: "Gene expression in normal and disease states - identification of the apeutic targets" TRENDS IN BIOTECHNOLOGY, GB, ELSEVIER PUBLICATIONS, CAMBRIDGE, vol. 14, no. 8, 1 August 1996 (1996-08-01), pages 294-298, XP004035748 ISSN: 0167-7799	1-38		

Intern: al Application No
PCT/DE 99/01175

		reijbe J.	3/U11/5 %*/
	ation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages		Relevant to claim No.
P,X	JANSA,P., ET AL.: "cloning and functional characterization of PTRF, a novel protein which induces dissociation of paused ternary transcription complexes" THE EMBO JOURNAL, vol. 17, no. 10, 15 May 1998 (1998-05-15), pages 2855-2864, XP002129532 the whole document		1,2, 5-20,23, 24,26, 29,34,38
E	WO 99 55858 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 4 November 1999 (1999-11-04) see SEQID 63 page 71		1-26,29, 32-38
T	SCHMITT AO. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumour tissues." NUCLEIC ACID RESEARCH,		1-38
	vol. 27, no. 21, November 1999 (1999-11), pages 4251-4260, XP002129533 the whole document	٠.	
		• .	
		. •	
		•	
		•	

International application No. PCT/DE 99/01175

Box I	Observations where certain claims were found unscarchable (Continuation of item 1 of first sheet)
This inte	ernational search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons
1.	Claims Nos.: because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2.	Claims Nos.: because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
3.	Claims Nos.: because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).
Box II	Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)
	ernational Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:
1.	As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2.	As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3.	As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. 🔀	No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.: See Invention 1.
Remark (on Protest The additional search fees were accompanied by the applicant's protest. No protest accompanied the payment of additional search fees.

Form PCT/ISA/210 (continuation of first sheet (1)) (July 1992)

International application No.

PCT/DE99/01175

The International Search Authority found that this international application contains multiple inventions as follows:

Invention No. 1: Claims Nos. 1-38 (all in part)

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID 1, an allelic or complementary variant thereof. BAC, PAC and cosmid clones, expression cassette, in addition to a host cell containing this sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment coded by the SEQ ID 1 sequence. Polypeptide (partial) sequences relating to SEW IDs 63-65 (table 2) and the uses thereof. Medicament containing at least one polypeptide (partial) sequence relating to SEQ IDs 63-65.

Inventions Nos. 2-27: Claims Nos 1-38 (all in part)

As for Invention No. 1 but relating to nucleic acid sequences SEQ IDs 2-20 and 121-127 and the corresponding polypeptide partial sequences as described in table 2 or in the sequence protocol.

Inventions Nos. 28-69 : Claims Nos. 3,4, 5-22, 28-38 (all in part)

Nucleic acid sequences respectively relating to SEQ IDs 21-62; BAC, PAC and cosmid clones, expression cassette, , in addition to a host cell containing this sequence. Uses of said nucleic acid sequences and method for the production of a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment coded by the sequences according to SEQ ID 21-62.

Information on patent family members

Interna al Application No PCT/DE 99/01175

Patent document cited in search report		Publication Patent family date member(s)		Publication date	
WO 9324655	Α	09-12-1993	EP US	0642590 A 5665544 A	15-03-1995 09-09-1997
WO 9955858	Α	04-11-1999	DE	19820190 A	04-11-1999

Form PCT/ISA/210 (patent family annex) (July 1992)

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE 99/01175

	INTERNATIONALER RECIERCIES	21dCIII	PC1/DE 99/0	11/5
A KIASS	IFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES	·	<u> </u>	
C12N15/			N5/10	
C12N15/			Q1/68	
G01N33/	68 A61K38/17 A61K48/00	•	• •	
Nach der Inte	rnationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der natio	onalen Klassifikation i	and der IPK	
B. RECHE	RCHIERTE GEBIETE			
Recherchieru	er Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifika	ationssymbole)		
· IPC 6	C12N C07K C12Q			<u> </u>
Recherchieru	e, aber nicht zum Mindestprüßtoff gehörende Veröffentlic	chungen, soweit diese	unter die recherchierten G	ebiete fallen
Während der	internationalen Recherche konsultierte elektronische Date	enbank (Name der Da	tenbank und evil. verwend	ete Suchbegriffe)
		•		,
C. ALS W	ESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	
	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich	unter Angaba der in B	etracht kommenden Teile	Pars Annuals N
Kategorie*	Bezeichnung der Verottentlichung, soweit erforder neit	miter Aligabe dei in i		Bed. Alspiden P
Х	HILLIER, L., ET AL.: "the WashU	J-Merck EST		1,2,
^	project - unpublished"			5-10,1
	EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY,			15,23,
	7 September 1996 (1996-09-07), X	(P002129529		24,26,
	heidelberg, germany			34,38
	beitritt no.AA044253			
٠				
Χ	HILLIER, L., ET AL.: "the Wash"	J-Merck EST		1,2,
	project 1997"			5-10,14
	EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY,	00500		15,23,
	14 Mai 1997 (1997-05-14), XP0021	129530		24,26,
	heidelberg, germany			34,38
	beitritt no.AA418945		·	
		-/		
Wairera	! Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu e	entnehmen	Siehe A	nhang Patentfamil
X Weitere	Visitendichungen sind der Portsetzung von Teile C zu e		Z Siche Z	duming I accitioning
	Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen:		ing, die nach dem internationalen	
"A" Veröffentlig	ching, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als bedeutsem anzuschen ist	sondern nur zum Vers	entlicht worden ist und mit der Ar Undnis des der Erfindung zugnun	
	ument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen		iden Theorie angegeben ist berenderen Radautunet die besone	michta Eifinding bann
Amneldede	tum veröffentlicht worden ist	allein aufgrund dieser	besonderer Bedeutung; die beansp Veröffentlichung nicht als neu o	ica ant calinderischer
	chung, die goeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen lurch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im	Tätigkeit beruhend be		
Rochercher	abenicht genamten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus	nicht als auf erfinderis	besonderer Bedeutung; die beansp icher Tätigkeit beruhend betrachte	a werden, wenn die
	cren besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt) chang, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine		einer oder mehreren Veröffentlich wird und diese Verbindung für eir	
Austellung	g oder andere Maßnahmen bezieht	ist		·
	chung, die vor dem internationalen Amneldedatum, aber nach dem be- n Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist	"&" Veröffentlichung, die	Mitglied derselben Pstentfamilie i	at .
·				
Datum des A	abschlusses der internationalen Recherche	Absendedatum des	internationalen Recherche	enberichts
- 03	Februar 2000 (03.02.00)	08 Mai 20	00 (08 05 00)	
		US IVIAI 201	00 (08.05.00)	
Name und Pe	ostanschrift der Internationalen Recherchenbehörde	Bevollmächtigter F	Bediensteter	
				•
		1		
Telefaxnr.		Telefonny.		
CICIANII.				

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

(Fortsetzung). ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile Betr. Anspruch Nr. Kategorie* HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project 1997" Х 1,2, 5-10,14, EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 15,23, 11 Juni 1997 (1997-06-11), XP002129531 24,26, heidelberg, germany 34,38 beitritt no. AA451994 CRESCENZI, E., ET AL.: "identification of Α 1-38 differentially expressed mRNAs in normal and neoplastiic (adenocarcinoma) human endometrium" GYNECOLOGIC ONCOLOGY. vol. 63, November 1996 (1996-11), pages 228-233, XP000874036 das ganze dokument Α WANG, Y. AND MIKSICEK, R.J.: 1-38 "characterization of estrogen receptor cDNAs of human uterus: identification of a novel PvuII polymorphism" MOLECULAR AND CELLULAR ENDOCRINOLOGY, vol. 101, 1994, Seiten 101-110, XP000874034 das ganže dokument Α WO 93 24655 A (AMERSHAM INT PLC ; CHENCHIK 1-38 ALEXANDER ANATOLJEVIC (RU); DIACHENKO L) 9 Dezember 1993 (1993-12-09) das ganze dokument Α BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence 1-38 assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 23, 1995, Seite 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 zitiert im aplication das ganze dokument Α SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by 1-38 electronic PCR" GENOME RESEARCH., vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 zitiert im aplication das ganze dokument FANNON M R: "Gene expression in normal Α 1-38 and disease states - identification of therapeutic targets" TRENDS IN BIOTECHNOLOGY, GB, ELSEVIER PUBLICATIONS, CAMBRIDGE, vol. 14, no. 8, 1 August 1996 (1996-08-01), Seiten 294-298, XP004035748 ISSN: 0167-7799 -/--

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT PCT/DE 99/01175

C (Fortset	zung). ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN	
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
P,X	JANSA,P., ET AL.: "cloning and functional characterization of PTRF, a novel protein which induces dissociation of paused ternary transcription complexes" THE EMBO JOURNAL, vol. 17, no. 10, 15 Mai 1998 (1998-05-15), seiten 2855-2864, XP002129532 das ganze dokument	1,2, 5-20,23, 24,26, 29,34,38
E	WO 99 55858 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 4 November 1999 (1999-11-04) siehe SEQID 63 seite 71	1-26,29, 32-38
T	SCHMITT AO. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumour tissues." NUCLEIC ACID RESEARCH, vol. 27, no. 21, November 1999 (1999-11), seiten 4251-4260, XP002129533 das ganze dokument	1-38

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01175

Feld I	Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1
Gemāß	Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:
1.	Ansprüche Nr. weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2.	Ansprüche Nr. weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
3.	Ansprüche Nr. weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.
Feld II	Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)
Die inten	nationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:
	*·
1.	Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2.	Da für alle recherchierbaren Ansbrüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchengebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
	Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
1	Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recher- chenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen er- faßt: siehe Enfindung 1.
Bemerku	Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt. Die Zahlung zusätzlicher Recherchengebühren erfolgte ohne Widerspruch.

Formblatt PCT/ISA/210 (Fortsetzung von Blatt 1 (1))(Juli 1998)

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung merhrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

Erfindung 1: Ansprüche 1-38 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID 1, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtzelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID 1 Sequenz kodiert wird. Polypeptid(teil)sequenzen sich beziehend auf SEQ IDs 63 bis 65 (Tabelle 2) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid(teil) sequenz sich beziehend auf SEQ IDs 63 bis 65.

Erfindungen 2 bis 27: Ansprüche 1-38 (alle teilweise)

Wie für Erfindung 1. aber bezogen auf die Nukleinsäuresequenzen SEQ IDs 2-20 und 121-127 den korrespondierenden Polypeptid(teil)sequenzen wie in der Tabelle 2 oder dem Sequenzprotokoll beschrieben.

Erfindungen 28 bis 69: Ansprüche 3,4,5-22,28-38 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenzen sich respectiv beziehend auf SEQ IDs 21-62; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenzen enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenzen und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichted gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von den Sequenzen gemäss SEQ ID 21-62 kodiert wird.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen PCT/DE 99/01175

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument		Datum der Veröffentlichung	Datum dei		
WO 9324655	Α	09-12-1993	EP US	0642590 A 5665544 A	15-03-1995 09-09-1997
WO 9955858	Α	04-11-1999	DE	19820190 A	04-11-1999

This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning Operations and is not part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:
☐ BLACK BORDERS
☐ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
A FADED TEXT OR DRAWING
☐ BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING
☐ SKEWED/SLANTED IMAGES
☐ COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS
GRAY SCALE DOCUMENTS
☐ LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT
☐ REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY
D

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.

THIS PAGE BLANK (USPTO)